



Universidade Federal de Pernambuco
Centro de Biociências

MARINA MACÊDO GOMES

**CHAPADA DO ARARIPE: UMA ANÁLISE ESPACIAL
DESCRITIVA DOS ECTOPARASITAS ENVOLVIDOS NA
TRANSMISSÃO DA PESTE (1978 A 1983).**

Recife
2024

MARINA MACÊDO GOMES

**CHAPADA DO ARARIPE: UMA ANÁLISE ESPACIAL
DESCRITIVA DOS ECTOPARASITAS ENVOLVIDOS NA
TRANSMISSÃO DA PESTE (1978 A 1983).**

Trabalho de Conclusão de Curso apresentado ao Curso de Graduação em Biomedicina da Universidade Federal de Pernambuco, como pré-requisito à obtenção do título de Bacharel em Biomedicina.

Orientador: Dr. Diego Leandro Reis da Silva Fernandes

Coorientadora: Dra. Alzira Maria Paiva de Almeida

Recife
2024

Ficha de identificação da obra elaborada pelo autor,
através do programa de geração automática do SIB/UFPE

Gomes, Marina Macêdo .

Chapada do Araripe: Uma análise espacial descritiva dos ectoparasitas envolvidos na transmissão da peste (1978 a 1983) / Gomes, Marina Macêdo. - Recife, 2024 .
53 p. : il.

Orientador(a): Diego Leandro Reis da Silva Fernandes.

Coorientador(a): Dra. Alzira Maria Paiva de Almeida

Trabalho de conclusão de Curso (Graduação) - Universidade Federal de Pernambuco, Centro de Biociências, Biomedicina, 2024.

1. : Yersinia pestis. 2. Pulgas. 3.Peste bubônica. 4. Foco de Peste. 5.Polygenis . I. Fernandes, Diego Leandro Reis da Silva (Orientação). II. Almeida, Alzira Maria Paiva de III. Título.

CDD (22.ed.)

MARINA MACÊDO GOMES

**CHAPADA DO ARARIPE: UMA ANÁLISE ESPACIAL
DESCRITIVA DOS ECTOPARASITAS ENVOLVIDOS NA
TRANSMISSÃO DA PESTE (1978 A 1983).**

Trabalho de Conclusão de Curso
apresentado ao Curso de Graduação
em Biomedicina da Universidade
Federal de Pernambuco, como pré-
requisito à obtenção do título de
Bacharel em Biomedicina.

Aprovada em: ___/___/___

BANCA EXAMINADORA

Orientador: Dr. Diego Leandro Reis da Silva Fernandes
Instituto Aggeu Magalhães

Prof. Dr. Maria Betânia Melo de Oliveira
Universidade Federal de Pernambuco/ Departamento de Bioquímica, Centro de Biociência

Prof. Dr. Marise Sobreira Bezerra da Silva
Instituto Aggeu Magalhães
/ Departamento de Microbiologia

Dedico este trabalho a minha mãe por toda paciência e carinho; ao meu pai por todo amor e apoio; ao meu irmão, pelo companheirismo e pelos abraços.

AGRADECIMENTOS

Agradeço ao meu orientador, Dr. Diego Fernandes, e à minha coorientadora, Dra. Alzira Almeida, pelas orientações incansáveis, paciência e dedicação ao longo de todo o processo de elaboração deste trabalho. Suas experiências e incentivos foram fundamentais para a realização deste estudo. Sempre serei grata pelos conselhos que me deram, pois serão palavras que levarei não apenas na minha jornada acadêmica, mas também para a minha vida.

Gostaria de agradecer também a Bruna Mendes, Hadassa Almeida e Julia Caldas, cujos conhecimentos e apoio foram essenciais para o desenvolvimento deste estudo.

Agradeço ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) pelo suporte financeiro que possibilitou a execução desta pesquisa, e ao Instituto Aggeu Magalhães (Fiocruz Pernambuco) por todo o apoio institucional durante este período.

Aos colegas que me acompanharam ao longo do curso, desde as conversas nos corredores até os momentos de desespero durante as provas, agradeço a companhia e amizade nesse processo, em especial a Brenda, Kamyille, Larissa e Saulo.

Por fim, gostaria de agradecer a minha família, aos meus pais, Fernanda e Manoel, ao meu irmão, Fernando, e aos meus gatos, Floki e Olive. Dedico este trabalho a vocês por serem sempre os meus maiores apoiadores e as melhores companhias que eu poderia ter nesta vida.

**"Até a menor das criaturas pode mudar o
rumo do futuro."
– Galadriel (*As Duas Torres*)**

GOMES, Marina Macêdo. **CHAPADA DO ARARIPE: UMA ANÁLISE ESPACIAL DESCRITIVA DOS ECTOPARASITAS ENVOLVIDOS NA TRANSMISSÃO DA PESTE (1978 A 1983)**. 2024. 49. Trabalho de Conclusão de Curso (Graduação em Biomedicina) – Universidade Federal de Pernambuco, Recife, 2024.

RESUMO

Introduzido no Brasil há 125 anos, o bacilo chegou durante a terceira pandemia, com os primeiros casos humanos relatados em 1899 no porto de Santos, São Paulo (SP). A peste é uma zoonose associada principalmente a roedores, transmitida por pulgas ectoparasitas, sendo *Yersinia pestis* seu agente etiológico. A transmissão ocorre por meio de diferentes mecanismos, ainda não totalmente esclarecidos, e a relevância de cada espécie de pulga na dinâmica da peste varia conforme a área em que está presente. A bactéria tende a se estabelecer em regiões cujas condições favoreçam sua persistência, especialmente onde há uma diversidade significativa de hospedeiros silvestres (como roedores) e vetores (pulgas). O município de Exu, por exemplo, foi considerado o epicentro da peste em Pernambuco e sede de importantes pesquisas voltadas ao controle da doença, destacando-se o foco da Chapada do Araripe entre as demais áreas de ocorrência. A Chapada do Araripe reúne características geográficas, climáticas e da fauna que influenciam tanto o estabelecimento e a perpetuação da peste quanto o surgimento de epidemias na região. Além disso, mudanças ambientais e condições de vida humana influenciam na disseminação da doença. Diante desse contexto, o presente estudo buscou descrever as populações de ectoparasitos no foco de peste da Chapada do Araripe entre 1978 e 1983, abordando a variação das espécies identificadas, a presença de *Yersinia pestis* entre ectoparasitos coletados em hospedeiros capturados e a distribuição espacial dessas populações durante as atividades do Programa de Vigilância e Controle da Peste (PCP). A metodologia envolveu análises descritivas e espaciais de dados de ectoparasitas contidos no acervo do Serviço de Referência Nacional em Peste (SRP) do Instituto Aggeu Magalhães (IAM) FIOCRUZ PE, a partir de gráficos produzidos no software GraphPad Prism® e mapas construídos no software QGIS. As análises revelaram a presença das espécies *Polygenis sp.*, *Xenopsylla cheopis*, *Ctenocephalides sp.* e *Pulex irritans* na região da Chapada do Araripe. Essas espécies foram encontradas tanto em associação com hospedeiros específicos quanto de forma livre. Evidenciou-se, em particular, a relação entre *X. cheopis* e espécies sinantrópico-comensais, com destaque para *Rattus rattus*, e entre espécies de *Polygenis* e roedores silvestres, principalmente *Necromys lasiurus*. As análises espaciais indicaram uma ampla distribuição dessas pulgas na região, com maior intensidade nas áreas próximas à encosta do planalto, conhecidas como os sopés da Chapada do Araripe.

Palavras-chave: *Yersinia pestis*. Pulgas. Peste bubônica. Foco de Peste. *Polygenis*.

GOMES, Marina Macêdo. **Chapada do Araripe: A Spatial Descriptive Analysis of Ectoparasites Involved in Plague Transmission (1978 A 1983)**. 2024. 49. Course Completion Work (Biomedicine Degree) – Federal University of Pernambuco, Recife, 2024.

ABSTRACT

Introduced in Brazil 125 years ago, the bacillus arrived during the third pandemic, with the first human cases reported in 1899 at the port of Santos, São Paulo (SP). Plague is a zoonosis primarily associated with rodents, transmitted by ectoparasitic fleas, with *Yersinia pestis* as its etiologic agent. Transmission occurs through various mechanisms that are not yet fully understood, and the significance of each flea species in the plague's dynamics varies according to the area it inhabits. The bacterium tends to establish itself in regions where conditions favor its persistence, especially in areas with a significant diversity of wild hosts (such as rodents) and vectors (fleas). The municipality of Exu, for example, was considered the epicenter of plague in Pernambuco and a center for important research aimed at controlling the disease, with the Chapada do Araripe focus standing out among other affected areas. The Chapada do Araripe is characterized by geographic, climatic, and faunal factors that influence both the establishment and persistence of plague and the emergence of epidemics in the region. Additionally, environmental changes and human living conditions affect the spread of the disease. In this context, the present study aimed to describe the ectoparasite populations in the Chapada do Araripe plague focus between 1978 and 1983, addressing the variation of identified species, the presence of *Y. pestis* among ectoparasites collected from captured hosts, and the spatial distribution of these populations during the activities of the Plague Surveillance and Control Program (PCP). The methodology involved descriptive and spatial analyses of ectoparasite data from the archives of the National Plague Reference Service (SRP) at the Aggeu Magalhães Institute (IAM) FIOCRUZ PE, using graphs produced with GraphPad Prism® software and maps created in QGIS. The analyses revealed the presence of *Polygenis sp.*, *Xenopsylla cheopis*, *Ctenocephalides sp.*, and *Pulex irritans* in the Chapada do Araripe region. These species were found both in association with specific hosts and freely. Notably, there was a relationship between *X. cheopis* and synanthropic-commensal species, especially *Rattus rattus*, and between *Polygenis* species and wild rodents, primarily *Necromys lasiurus*. Spatial analyses indicated a broad distribution of these fleas in the region, with greater intensity in areas near the plateau slope, known as the foothills of the Chapada do Araripe.

Key words: *Yersinia pestis*. Fleas. Bubonic plague. Plague Focus. *Polygenis*.

LISTA DE ILUSTRAÇÕES

Figura 1 – Linha do tempo da peste.....	16
Figura 2 – Ciclo de Transmissão da Peste.....	19
Figura 3 – Metodologias de diagnostico	25
Figura 4 – Municípios do Foco de Peste da Chapada do Araripe.....	32
Figura 5 – Distribuição Anual de Espécimes por Espécie de Pulga coletadas no foco da Chapada do Araripe (1978 a 1983)	36
Figura 6 - Gráficos da Associação entre Espécies de Pulgas e seus Hospedeiros...37	
Figura 7 – Diagrama de Sankey da Associação entre Espécies de Pulgas e seus Hospedeiros.	38
Figura 8 – Distribuição Espacial e KDE de Frequência da Espécie <i>Polygenis sp.</i> ...39	
Figura 9 – Distribuição Espacial e KDE de Frequência da Espécie <i>Xenopsylla cheopis</i>	40
Figura 10 – Distribuição Espacial e KDE de Frequência da Espécie <i>Ctenocephalides sp.</i>	41
Figura 11 – Distribuição Espacial e KDE de Frequência da Espécie <i>Pulex irritans</i>	42

LISTA DE ABREVIATURAS E SIGLAS

CPRM	Companhia de Pesquisa de Recursos Minerais
DNERu	Departamento Nacional de Endemias Rurais
GEE	Google Earth Engine
GPS	Global Positioning System
IBGE	Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística
INERu	Instituto Nacional de Endemias Rurais
MALDI-TOF	Matrix-assisted Laser Desorption Ionization–time of Flight Mass Spectrometry
MDE	Modelo Digital de Elevação
MS	Ministério da Saúde
OMS	Organização Mundial da Saúde
OPAS	Organização Pan-Americana da Saúde
PCP	Programas de Controle da Peste
PCR	Polymerase Chain Reaction
PLD	Plasmid-encoded phospholipase D
RDTs	Testes Rápidos de Diagnóstico
SVS	Secretaria de Vigilância em Saúde
SRTM	Shuttle Radar Topography Mission
SRP	Serviço de Referência Nacional em Peste
Ymt	Yersinia murine toxin

SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO.....	12
2	REVISÃO BIBLIOGRÁFICA.....	14
2.1	HISTÓRICO DA PESTE.....	14
2.2	AGENTE ETIOLÓGICO: <i>YERSINIA PESTIS</i>	16
2.3	CICLO DE TRANSMISSÃO DA PESTE.....	17
2.4	EVOLUÇÃO DO BACILO <i>Y. PESTIS</i>	19
2.5	PULGAS COMO VETORES DA PESTE.....	21
2.6	PULGAS, SEUS HOSPEDEIROS E A PESTE.....	22
2.7	FOCOS NATURAIS E MANUTENÇÃO DA PESTE.....	23
2.8	A PESTE HUMANA.....	24
2.8.1	FISIOPATOLOGIA E FORMAS CLÍNICAS.....	24
2.8.2	DIAGNÓSTICO E TRATAMENTO.....	25
2.9	CONTROLE E VIGILÂNCIA DA PESTE.....	26
2.9.1	Histórico do Combate a Peste no Brasil.....	26
2.9.2	Vigilância da Peste.....	27
2.10	ANÁLISES GEOESPACIAIS.....	28
3	OBJETIVOS.....	30
3.1	OBJETIVO GERAL	30
3.2	OBJETIVOS ESPECÍFICOS.....	30
4	METODOLOGIA.....	31
4.1	ÁREA DE ESTUDO	31
4.2	COLETA DOS DADOS.....	32
4.2.1	Dados De Pulgas e Seus Hospedeiros.....	32
4.2.2	Dados Geoespaciais.....	33
4.3	ANÁLISE DOS DADOS.....	34
4.3.1	Construção dos Gráficos e Diagrama.....	34
4.3.2	Análises espaciais.....	35
5	RESULTADOS.....	36

6	DISCUSSÃO.....	43
7	CONCLUSÃO.....	46
	REFERÊNCIAS.....	47

1 INTRODUÇÃO

A peste é uma das doenças mais antigas e temidas conhecidas na história da humanidade. Os primeiros relatos da doença estão registrados na Bíblia e estudos recentes de paleoepidemiologia sugerem a ocorrência de epidemias há cerca de 5.000 anos. Na era cristã, estão bem caracterizadas três pandemias que devastaram as populações humanas ao longo da história, destacando-se a peste negra, que ocorreu de 1346 a 1353 sendo responsável por ceifar a vida de um terço da população europeia, durante a 2ª Pandemia que se estendeu do século XIV ao século XVII (Barbieri et al., 2020). No entanto, a bactéria gram-negativa *Y. pestis* só foi identificada como o agente etiológico da doença pelo bacteriologista Alexandre Yersin, durante a terceira pandemia que se iniciou em Yunnan, na China, em 1855 e se espalhou a partir de 1884 por meio do transporte marítimo a vapor para todos os continentes (Barbieri et al., 2020)

Durante essa última pandemia, em 1899, no porto de Santos, em São Paulo foi feito o primeiro relato de peste no Brasil, com a doença se disseminando nos portos, e depois pelas vias férreas e rodovias para o interior do país, criando focos naturais em regiões onde o conjunto de fatores favoráveis permitiu o estabelecimento e perpetuação da circulação da *Y. pestis* (Brasil, 2008; Tavares et al., 2012). Diante da situação, fez-se necessário o estabelecimento de medidas para o controle do agravo no país. A Campanha de Combate à Peste Urbana teve início e ao longo dos anos foram desenvolvidos programas de controle e de pesquisas nas áreas afetadas, alcançando o controle da doença nas áreas portuárias e urbanas (Tavares et al., 2012).

Apesar das medidas de controle, a peste persiste como importante agravo em áreas rurais em numerosas regiões de diversos estados. Para esclarecer dúvidas sobre a epidemiologia da peste, que persistia apesar dos estudos até então realizados, em 1966 foi estabelecido um programa denominado Plano Piloto da Peste (PPP) no município de Exu, no estado de Pernambuco, onde se registrava o maior número de casos no país. Esse projeto desenvolvido na região pestígena da Chapada do Araripe entre 1966 a 1974 permitiu o redirecionamento da luta contra a peste e acumulou grande quantidade de dados sobre vários elementos do ciclo epidemiológico da zoonose, os quais foram colecionados e conservados, estando disponíveis para análises (Tavares et al., 2012).

Segundo estudos desenvolvidos nas áreas focais de peste brasileiras e de outros países, uma das características fundamentais da dinâmica da peste é a alternância de períodos epidêmicos com períodos de quiescência. No entanto, essa dinâmica ainda não está completamente elucidada, havendo muitas hipóteses a esclarecer, como a sobrevivência das bactérias no solo das tocas dos roedores, no organismo das pulgas, persistência em microabscessos no organismo dos roedores, circulação da bactéria em baixo nível não detectável (roedor-pulga-roedor) (Fernandes et al., 2021a; Perry; Fetherston., 1997).

Primordialmente, a peste é uma zoonose de roedores, que constituem os principais hospedeiros de pulgas infectadas, mas pode infectar praticamente todos os mamíferos, inclusive, os seres humanos, resultando em surtos da doença (Brasil, 2008; Tavares et al., 2012). Ao acometer os seres humanos a peste pode manifestar diferentes formas clínicas, quando transmitida pela picada de ectoparasitas, como as pulgas, que é a forma mais comum de transmissão da peste, ocorre a formação do bubão resultante da tumefação do linfonodo mais próximo ao ponto da picada e caracterizando a peste bubônica. Nos casos não tratados, pode haver progressão para a forma septicêmica ou pneumônica (Barbieri et al., 2020; Yang et al., 2023; Brasil, 2008).

Os mecanismos da transmissão, associados a pulgas, ainda não estão completamente elucidados, com os modelos propostos sendo ainda discutidos (Eisen; Gage, 2009; Hinnebusch; Jarrett; Bland, 2017). Durante o repasto nos hospedeiros infectados, a bactéria pode permanecer nas suas peças bucais ou se alojar no trato digestivo das pulgas durante o curso da infecção nos modelos de transmissão massiva, pelas pulgas bloqueadas ou de fase inicial de transmissão (Eisen; Gage, 2009; Hinnebusch; Jarrett; Bland, 2017).

Fatores como topografia, clima e fauna de uma região podem influenciar tanto no estabelecimento e perpetuação da peste em determinadas áreas, quanto no desencadeamento de epidemias nessas áreas (Maleki-Ravasan et al., 2017; Yang et al., 2023). Dessa forma, essa doença apresenta um ciclo de transmissão complexo, não limitado a interação agente etiológico, vetor e hospedeiro, sofrendo influência de fatores ecológicos e ambientais, assim como, das condições de vida humana (Maleki-Ravasan et al., 2017; Yang et al., 2023).

O último caso confirmado de peste no Brasil foi reportado em 2005, no estado do Ceará, conjuntura que pode inferir falsamente a erradicação da peste no

país (Almeida et al., 2020; Sousa et al., 2017; Tavares et al., 2020). Contudo, é evidente a necessidade de manutenção da vigilância nas áreas focais, além da necessidade de pesquisas retrospectivas com abordagens ecológicas e ambientais para compreender todo o contexto ao qual essa infecção está associada. Considerando a existência de lacunas no conhecimento da dinâmica da zoonose, estudos que visam a compreensão de fatores envolvidos na circulação da peste ainda se fazem necessários.

Dado o exposto, o presente estudo utilizou abordagens descritivas e espaciais para analisar dados sobre as populações de ectoparasitos encontrados em hospedeiros no período de 1978 a 1983 coletados no foco pestoso da Chapada do Araripe disponíveis no acervo do Serviço de Referência Nacional em Peste (SRP) do Instituto Aggeu Magalhães (IAM) FIOCRUZ PE para determinar a flutuação das espécies de pulgas durante o período pós epidêmico da peste, a taxa de positividade para *Y. pestis* entre elas e estabelecer a relação do espaço com fatores determinantes para a ocorrência da doença no foco.

2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

2.1 HISTÓRICO DA PESTE

A peste é uma doença infecciosa cujo agente etiológico é o bacilo *Y. pestis*, transmitida por meio da picada de pulgas infectadas, sendo primariamente uma zoonose de roedores que pode ocasionalmente ser transmitida aos humanos (Barbieri et al., 2020; Demeure et al., 2019). Os primeiros relatos da doença estão registrados na Bíblia (livro II de Samuel). Estudos recentes de paleoepidemiologia detectaram DNA do bacilo da peste em remanescentes de cadáveres da Idade do Bronze e sugerem a ocorrência de epidemias há cerca de 5.000 a.C. a 800 a.C. (Barbieri et al., 2020; Rascovan et al., 2019; Yu et al., 2020). Na era cristã estão bem caracterizadas três pandemias que devastaram as populações humanas ao longo da história. A primeira pandemia ocorreu entre 542 e 602 d. C., denominada Peste de Justiniano que acometeu todo o mundo civilizado na época, correspondendo a populações do Norte da África, da Europa, da Ásia central e meridional. A segunda pandemia, conhecida como Peste Negra, aconteceu entre os séculos XIV e XVII, iniciou-se na Ásia e estendeu-se por toda a Europa e norte da África. Apresentou impacto não apenas populacional, sendo responsável por dizimar um terço da população europeia do período de 1553 a 1555, mas também socioeconômicos e culturais (Barbieri et al., 2020; Perry; Fetherston, 1997). A terceira pandemia originou-se em Yunnan, na China, chegando em Hong Kong em maio de 1864, de onde rapidamente se disseminou por meio de navios a vapor para todos os continentes, atingindo países nunca haviam sido acometidos pela peste como as Américas e a Oceania. (Barbieri et al., 2020, Perry; Fetherston, 1997).

O Brasil teve o primeiro caso de peste oficialmente registrado no Porto de Santos em São Paulo, em 19 de outubro de 1899. Estudos recentes das cepas de peste brasileiras isoladas de diferentes fontes, áreas e períodos confirmaram a hipótese de uma origem única da introdução da bactéria no Brasil. (Tavares et al., 2012, Pitta et al., 2023; Vogler et al., 2019). Os diversos portos brasileiros experimentaram surtos de peste nos anos seguintes e em seguida, através dos movimentos humanos e das rotas comerciais a peste se disseminou para o interior dos estados pelas vias férreas e rodoviárias, se estabelecendo em áreas onde as condições eram adequadas à focalização do bacilo, constituindo os focos naturais que

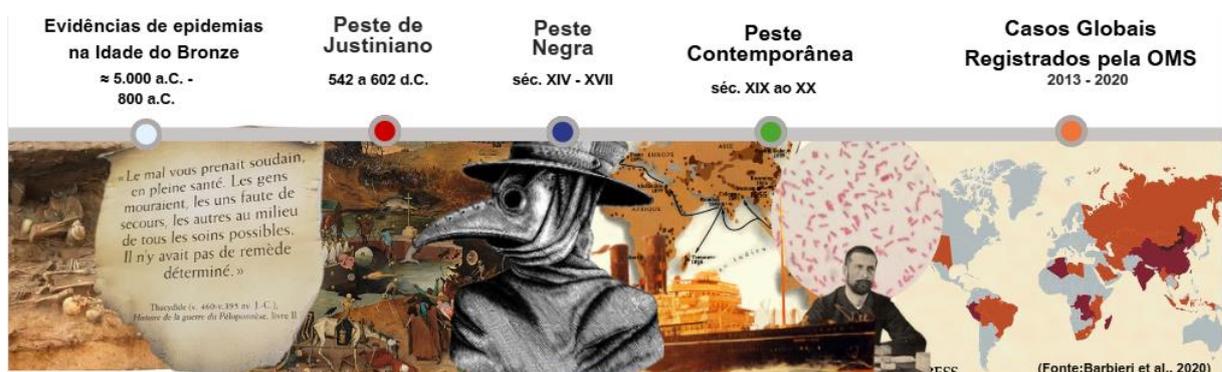
persistem até atualmente (Fernandes et al., 2021a; Tavares et al., 2012).

Esforços continuados dos órgãos de saúde levaram ao controle da peste no país e declínio dos casos humanos com a identificação de apenas três casos na década de 1990 e um caso em 2005. No entanto, o controle não garantiu erradicação da peste, uma vez que pesquisas sorológicas evidenciam a circulação da *Y. pestis* (Tavares et al., 2020).

Assim como o Brasil, outras regiões afetadas, por meio da ampla disponibilidade de antibióticos e outros fatores, conseguiram realizar o controle da peste, mas sem a eliminação da circulação do bacilo, dessa forma, no século XXI, a peste ainda está presente em países da Ásia, África e nas Américas (Barbieri et al., 2020). Entre 2013 e 2018, 2.886 casos e 504 mortes foram notificados à OMS, registrados na República Democrática do Congo, na Tanzânia, em Uganda, na China, na Mongólia, no Peru, na Bolívia e nos Estados Unidos, com destaque para Madagascar que teve 2.323 (Bertherat et al., 2019; Vallès et al., 2020).

Dessa forma, a peste apesar do controle e com possibilidade de tratamento eficaz ainda constitui uma ameaça para saúde humana em virtude da persistência dos focos naturais, o potencial do uso da bactéria como agente biológico em ações de bioterrorismo e a gravidade da doença que causa e pode gerar uma emergência de saúde pública de interesse nacional e internacional. (Figura 1)

Figura 1. Linha do tempo do histórico da peste.



Fonte: O autor.

2.2 AGENTE ETIOLÓGICO: *YERSINIA PESTIS*

Em 1894, o bacteriologista Alexandre Yersin identificou a bactéria gram-

negativa *Y. pestis* como o agente causador da peste durante uma epidemia em Hong Kong (Demeure et al., 2019). Inicialmente, a bactéria, foi nomeada de *Bacterium pestis*, no decorrer dos anos sua nomenclatura foi sendo alterada e adequada, em 1923, recebeu o nome de *Pasteurella pestis*, posteriormente, foi reclassificada como do gênero *Yersinia*, recebendo a nomenclatura atual, que pertence a ordem Enterobacteriales e à família Enterobacteriaceae (Perry; Fetherston, 1997).

A *Y. pestis* é uma bactéria gram-negativa, não esporulada e imóvel, o seu crescimento é influenciado pela temperatura e pH do meio, sendo necessário para o crescimento ótimo, aproximadamente, temperaturas entre 28 e 30°C e valores de pH 7,2 e 7,6. Não é resistente à luz solar e a temperaturas acima de 40°C, não sobrevivendo bem como saprófita, entretanto, é capaz de se manter viável principalmente a baixas temperaturas, em materiais como escarro e fezes de pulgas dissecadas e tecidos protegidos (medula óssea) (Yang et al., 2023; Perry; Fetherston, 1997).

Quanto ao metabolismo, apresenta a capacidade de hidrolisar Orto-Nitro-Fenil-Galactosidase (ONPG) e de fermentar a glicose sem produção de gás, o manitol, a arabinose, a trealose e a esculina, dessa forma, apresentando positividade para testes que avaliam essas reações bioquímicas e auxiliam na identificação desse bacilo (Zhou et al., 2004). A habilidade de fermentar glicerol e reduzir nitrato a nitrito possibilitou a Devignat (1951) classificar a *Y. pestis* nas “variedades geográficas” Antiqua (glicerol+, nitrato+), Medievalis (glicerol+, nitrato-), Orientalis (glicerol-, nitrato+) e associar cada variante ou “biovar” a uma das três grandes pandemias: Antiqua era referente à Pandemia de Justiniano, Medievalis à Peste Negra e Orientalis a pandemia contemporânea. Entretanto, essas variedades não possuem relação com a virulência ou à forma clínica da doença (Devignat, 1951).

Estudos genômicos das cepas de *Y. pestis* definiram uma estrutura populacional de cinco ramos para *Y. pestis* a partir das análises de genomas completos: ANT (biovar Antiqua), MED (Medievalis), ORI (Orientalis), IN (Intermediário) e PE (Pestoides), considerando as modificações genéticas no genoma das cepas ao longo dos anos, tais como aquisição e perda de genes, mutações pontuais e rearranjos (Demeure et al., 2019; Zhou et al., 2004).

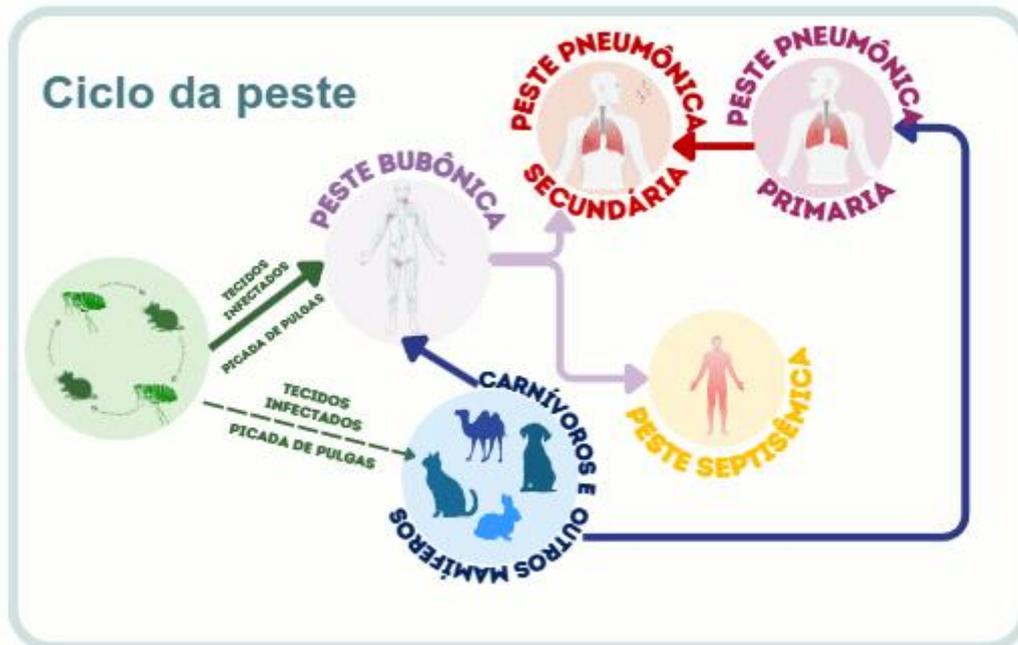
2.3 CICLO DE TRANSMISSÃO DA PESTE

Quando a infecção se dá devido à picada de pulgas, ocorre o desenvolvimento da forma clínica chamada peste bubônica. Nas áreas focais de transmissão, em certas circunstâncias, o bacilo da peste pode permanecer circulando por longos períodos em determinadas áreas sem causar epidemias devido à existência de população de hospedeiros, principalmente, os roedores, resistentes à infecção, logo, as pulgas infectadas não necessitam buscar novos hospedeiros (Gage; Kosoy, 2005).

Na ocorrência de epizootias pestosas entre as espécies sensíveis, as pulgas infectadas abandonam os cadáveres e buscam novos hospedeiros e transmitem a infecção para as espécies suscetíveis ou resistentes (Gage; Kosoy, 2005; Brasil, 2008). Os roedores são as principais fontes de infecção da peste, na natureza, no entanto, os lagomorfos (coelhos e lebres), camelos, macacos, alguns marsupiais (*Monodelphis domestica*) e carnívoros selvagens e domésticos (cães e gatos) podem contrair a peste. As aves são resistentes à infecção, entretanto, pode atuar na disseminação da doença ao carrear pulgas e transportar carcaças infectadas para outras localidades (Gage; Kosoy, 2005; Mahmoudi et al., 2021)

Após a introdução na população humana e com o desenvolvimento de um quadro de peste pneumônica primária, a transmissão pode não envolver os vetores, ocorrendo por meio da inalação de aerossóis contendo bactérias na interação entre pessoas (Brasil, 2008). Outra forma de contágio é por meio do contato com carcaças e consumo de carne de animais infectados (Barbieri et al., 2020) (Figura 2).

Figura 2. Ciclo de Transmissão da Peste.



Fonte: O autor.

Legenda: Em verde, observa-se a transmissão entre pulgas e roedores, as setas verdes indicam a transmissão por picada de pulgas ou contato com tecido infectado. As setas azuis representam a infecção a partir do contato com outros mamíferos infectados, seja por picada de pulgas, contato com tecido infectado ou aerossóis. As setas roxas indicam as possíveis evoluções a partir da Peste bubônica. A seta vermelha indica infecção através de aerossóis, a partir do contato de pessoas com Peste Pneumônica.

2.4 EVOLUÇÃO DO BACILO *Y. PESTIS*

O genoma da *Y. pestis* apresenta 90% de homologia genética ao *pseudotuberculosis* entretanto as duas espécies, divergem tanto em aspectos bioquímicos e fisiológicos, quanto a atributos clínicos da doença associada a esses patógenos (Demeure et al., 2019; Zhou et al., 2004). A divergência no genoma envolveu tanto eventos de perda ou inativação de genes quanto a obtenção de plasmídeos, destacando-se, a obtenção dos plasmídeos de virulência pPla/pPCP1, envolvido na codificação do ativador plasminogênio (Pla), e pFra/pMT1, associado à cápsula da Fração 1 (F1) e a toxina murina *Yersinia* (Ymt) ou fosfolipase D (PLD), pela

Y. pestis (Zhou et al., 2004). A aquisição da proteína Pla possibilitou a invasão pela circulação, permitindo a transmissão através picada de pulga, além de ser responsável pela infecção pulmonar características da *Y. pestis* (Zhou et al., 2004). A Pla, também, foi relacionada ao processo de proteção e colonização da bactéria no intestino médio das pulgas, o que indica o desenvolvimento para o modelo de transmissão por artrópodes (Hinnebush et al., 2002; Hinnebush, 2005).

Identificada por estudos paleogenômico que destacam a infecção por *Y. pestis* entre a população humana no período Neolítico Tardio/Idade do Bronze (c. 5000 a.C. - 800 a.C.), a cepa Gok2 se encontra na base da árvore filogenética para todos os genomas conhecidos de *Y. pestis*, tanto modernos quanto antigos (Rascovan et al., 2019). Nos genomas ancestrais é observada a ausência das regiões relacionadas ao gene de virulência *ymt* e do gene *ymp1.66c*, relacionadas à fatores envolvidos a sobrevivência da bactéria no proventículo das pulgas e no macrófago, respectivamente (Rascovan et al., 2019; Rasmussen et al., 2015; Yu et al., 2020).

Os genomas das cepas resultantes de divergência de cepas basais demonstram, por meio de análise genômica comparativa, a progressão da aquisição dos genes envolvidos com a virulência e a sobrevivência da *Y. pestis*. Estudos feitos a partir de esqueletos datados do século XI a XII, foram associados ao período da Peste de Justiniano, com cepas identificadas demonstrando grande diversidade gênica (Keller et al., 2019). Sendo observadas a deleção de genes de virulência *mgtB* e *mgtC* que possivelmente associados ao fim dessa pandemia, no entanto, em virtude das controvérsias envolvendo dados históricos e genéticos, a origem da primeira pandemia registrada ainda não foi completamente determinada (Barbieri et al., 2021; Keller et al., 2019).

Os genes *mgtB* e *mgtC*, constatados ausentes em genomas ancestrais, foram identificados em cepas da segunda pandemia e esses genomas da segunda pandemia tem pouca diferença dos genomas modernos (Barbieri et al., 2020). Os genomas datados do período da Peste Negra pertencem a uma linhagem única de *Y. pestis*, fortalecendo a hipótese de um único ponto de entrada da peste na Europa (Namouchi et al., 2018; Spyrou et al., 2019).

A linhagem Branch 1 é amplamente distribuída presente em focos naturais de peste na Ásia, África e América, possivelmente prosperou no final do período medieval na Europa e no início do período moderno (Spyrou et al., 2016; Yang et al., 2023). A terceira pandemia é associada à linhagem 1.ORI derivadas do Branch 1B, que

apresentou uma distribuição abrangente por meio do transporte de navios a vapor (Yang et al., 2023.)

2.5 PULGAS COMO VETORES DA PESTE

A transmissão de patógenos por artrópodes geralmente é caracterizada por uma alta especificidade do vetor (Hinnebusch, 2005). No caso da *Y. pestis*, isso não se aplica, visto que qualquer espécie de pulga pode, em condições adequadas, atuar como vetor, com diversas espécies identificadas como vetores da peste (Hinnebusch, 2005).

As pulgas são ectoparasitas hematófagos de mamíferos e aves que pertencem à ordem Siphonaptera. Ao completarem o ciclo de desenvolvimento apresentam corpo delgado com aproximadamente 1 a 8 mm de comprimento, aparelho bucal picador-sugador, coloração castanho com cerdas voltadas para trás, três pares de patas e são desprovidos de asas. O ciclo de vida da pulga tem quatro estágios: ovo, larva, pupa e adulto. Após a fêmea botar ovos em locais próximos ao hospedeiro, as larvas eclodem e se alimentam de matéria orgânica. Elas então se transformam em pupas, permanecendo nesse estágio até que as condições sejam favoráveis para se tornarem adultas. A distribuição geográfica das pulgas é bastante diversificada, ocorrendo de maneira heterogênea pelo globo, geralmente em associação com seus hospedeiros (Bitam et al., 2010; Linardi, 2016).

De modo geral, determinadas espécies de pulgas são descritas como os principais vetores em uma região ou país, entretanto, não é descartada a possibilidade de transmissão pelas demais. Desse modo, na África, Índia e América do Sul a *Xenopsylla brasiliensis*, na Indonésia e no Sudeste Asiático a *Xenopsylla astia*, nos EUA a *Oropsylla montanus* (Bitam et al., 2010). No Brasil, as principais espécies de pulgas que foram encontradas infectadas nas ações de vigilância e controle da peste são dos gêneros *Polygenis*, *Xenopsylla*, *Pulex* e *Ctenocephalides* (Fernandes et al., 2020a).

Os modelos de transmissão da peste por meio de pulgas ainda são amplamente discutidos, sendo dois os principais propostos: O modelo, denominado transmissão por pulga “bloqueada”, que consiste na obstrução do proventrículo, uma válvula quitinosa do intestino anterior das pulgas que ocorre mediante a formação de biofilme produzido pela *Y. pestis* no organismo das pulgas (Hinnebusch; Jarrett; Bland,

2017). O bloqueio impede a passagem de sangue para o intestino médio da pulga, com isso o sangue não é digerido e a pulga permanece faminta e nas tentativas subsequentes de se alimentar no novo hospedeiro, as pulgas fazem grande esforço para sugar e nesse processo ocorre a regurgitação do conteúdo do proventrículo e consequente inoculação de bactérias na corrente sanguínea do hospedeiro (Hinnebusch; Jarrett; Bland, 2017).

O outro modelo é o de transmissão de fase inicial ou transmissão precoce (EARLY-PHASE TRANSMISSION) que ocorre pela picada subsequente a um repasto em hospedeiro infectado (dentro da 1ª semana), ocorre em baixa frequência e é independente da formação de biofilme e bloqueio do proventrículo (Hinnebusch; Jarrett; Bland, 2017).

2.6 PULGAS, SEUS HOSPEDEIROS E A PESTE

A pulga é um ectoparasita que apresenta grande diversidade de hospedeiros entre mamíferos e aves, sendo os roedores os principais hospedeiros (Yin et al., 2020). Os hospedeiros constituem, para os ectoparasitas, a fonte de alimento, local termoestável para viver, desenvolver e reproduzir. Essa relação contribui para a estrutura e a composição das comunidades de ectoparasitas, com características, como traços morfológicos, ecológicos e evolutivos dos hospedeiros influenciando diretamente na organização das comunidades (Sponchiado et al., 2017; Yin et al., 2020). Assim, fatores como diversidade, condição corporal e densidade do hospedeiro podem interferir na riqueza e abundância de pulgas (Kessy et al., 2024).

Além disso, a interação complexa envolvendo parasita-hospedeiro pode exercer influência sobre a população de hospedeiros, podendo impactar na taxa de sobrevivência, a taxa de fertilidade e/ou as taxas de crescimento. Isso, por sua vez, influencia na dinâmica populacional e na estrutura da comunidade das espécies envolvidas, tanto a nível espacial quanto temporal (Sponchiado et al., 2015).

A presença da *Y. pestis* no sistema de interação das pulgas e seus hospedeiros, confere ainda mais complexidade a essa relação interespecífica. Produzindo condições de enzootia ou epizootia tornando espécies de roedores reservatórios (roedores resistentes) ou amplificadores (roedores sensíveis) do bacilo da peste, podendo intervir como uma força seletiva sobre a população hospedeira (Zeppellini; de Almeida; Cordeiro-Estrela, 2016). A redução da população de roedores

ou outros hospedeiros devido à peste pode provocar ampliação da busca das pulgas por novos hospedeiros e diversificarem a espécie hospedeiros (Brasil, 2008; Eisen; Gage, 2012).

A capacidade de seleção de espécies de roedores é evidente em estudo, nos focos de peste do nordeste do Brasil, que demonstram as variações dos níveis de susceptibilidade das diferentes espécies de roedores e o volume populacional de roedores, espécies como *Necromys lasiurus* sofrendo alta mortandade nas epizootias. (Baltazard, 2004; Fernandes et al., 2021b)

2.7 FOCOS NATURAIS E MANUTENÇÃO DA PESTE.

Uma notável característica da dinâmica da peste é a possibilidade do ressurgimento de casos após longos períodos de quiescência em determinadas áreas, demonstrando a possibilidade de circulação do bacilo sem que seja identificada a ocorrência de surtos ou epizootias na região (Brasil,2008; Eisen; Gage, 2009; Yang et al., 2023). As condições envolvidas com esse fenômeno ainda não estão devidamente esclarecidas, de modo que diferentes hipóteses foram propostas, como a presença de espécies resistentes que se tornam reservatórios, sobrevivência do bacilo no solo, permanência de pulgas infectadas nas tocas de roedores (Eisen; Gage, 2009).

Essa característica ficou evidente durante a terceira pandemia de peste, quando a *Y. pestis* se disseminou por todos os continentes, se estabelecendo em áreas distintas, onde as condições ecológicas e ambientais permitiram a sua circulação e perpetuação e pode voltar a produzir surtos de peste após longos períodos de quiescência (Yang et al., 2023). Essas áreas, conhecidas como focos naturais de peste, persistem em vários países na Ásia, África e Américas (Yang et al., 2023). Para que uma região seja considerada um foco de uma doença, é essencial que haja a presença e a interação, em condições naturais, do agente patogênico, do vetor específico e do animal hospedeiro (Brasil, 2008; Yang et al., 2023).

As áreas de focos são ecossistemas que apresentam condições geográficas, ambientais e ecológicas características (Brasil, 2008). Assim, outros fatores que vão além da interação agente etiológico, vetores e hospedeiros podem influenciar para tornar determinadas áreas adequadas para a circulação da *Y. pestis*, como a topografia, o clima e a vegetação (Brasil, 2008; Yang et al., 2023). No Brasil, regiões historicamente focais estão localizadas próximas ou diretamente nos próprios

acidentes geográficos como chapadas, vales e sopés de serras, além de condições climáticas, vegetação e fauna distintas das observadas nas áreas adjacentes (Brasil, 2008; Bezerra et al., 2024).

2.8 A PESTE HUMANA

2.8.1 Fisiopatologia e formas clínicas

A peste bubônica é a apresentação clínica mais frequente entre os humanos. Recebe esse nome devido à formação de bubões pestosos, causados em virtude da difusão das bactérias inoculadas, por meio da picada de pulgas infectadas pelos vasos sanguíneos e linfáticos até os linfonodos, desencadeando um quadro de inflamação, edema, trombose, necrose hemorrágica e periadenite (Barbieri et al., 2020; Vallès et al., 2020). Outras manifestações clínicas inespecíficas são a febre alta, calafrio, cefaleia, dores generalizadas, mialgia, confusão mental, taquicardia (Butler et al., 2013). Além disso, caso não ocorra o diagnóstico e tratamento adequados pode ocorrer a evolução para outras formas: pneumônica, meningea e septicêmica (Barbieri et al., 2020).

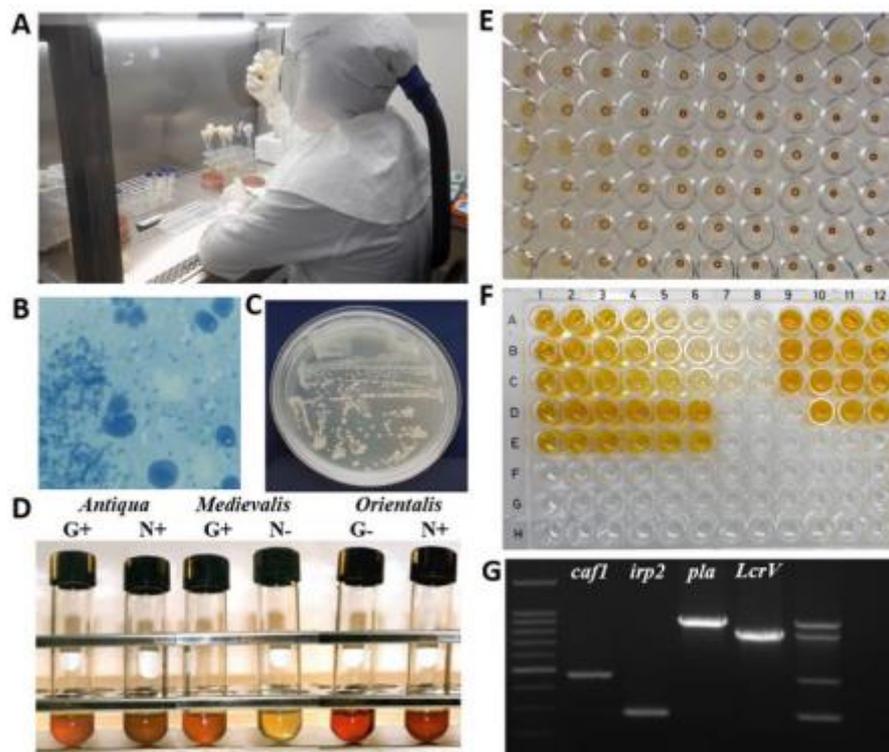
A forma pneumônica pode ser primária, contraída pelo contato com um portador da pneumonia pestosa ou animais doentes, ou secundária, em consequência da evolução de uma infecção bubônica ou septicêmica. O início é súbito com sintomas respiratórios, com comprometimento inicialmente lobular e evolução para uma consolidação lobar, podendo progredir à sépsis, à coagulação intravascular disseminada (CIVD), ao choque e a morte se o tratamento não for instituído nas primeiras 24 horas da doença, dessa forma, sendo a forma mais letal de peste (Barbieri, 2020).

A forma septicêmica pode ocorrer com ou sem bubões, caracterizada por toxemia progressiva, pode se desenvolver a partir das outras formas clínicas ou por meio do contato direto de secreções, sangue infectado com lesões na pele ou com a conjuntiva ocular. Pode afetar múltiplos órgãos, com possibilidade de progressão da gravidade e morte precoce caso não ocorra o tratamento. A peste também pode se manifestar de formas raras como cutânea primária, a faríngea e a oftálmica (Barbieri et al., 2020; Brasil, 2008).

2.8.2 Diagnóstico e Tratamento

O padrão ouro de diagnóstico preconizado pela Organização Mundial da Saúde (OMS) é a cultura, no entanto determinados contextos como o tempo de obtenção da amostra e a forma de manuseio da amostra podem comprometer a eficiência (Vallès et al., 2020). Dessa forma, outras opções de diagnóstico são propostas, como a PCR (Polymerase Chain Reaction), espectrometria de massa MALDI-TOF (Matrix-assisted Laser Desorption Ionization–time of Flight Mass Spectrometry), testes sorológicos e testes rápidos de diagnóstico (RDTs) para detecção do antígeno F1. Destacam-se, especialmente, os testes sorológicos que utilizam técnicas imunoenzimáticas. O tratamento é feito com antibióticos como estreptomicina, gentamicina, levofloxacino, doxiciclina e cloranfenicol. É essencial que não se aguarde os resultados dos exames laboratoriais, uma vez que a progressão do quadro clínico pode ser rápida e fatal (Barbieri et al., 2020; Bezerra; De Almeida, 2022; Brasil, 2008)(Figura 2).

Figura 3. Metodologias de Diagnóstico.



Fonte: Bezerra; De Almeida, 2022

Legenda: a) Manipulação de *Yersinia pestis* em BSL3; (b) Esfregaço de baço de camundongo corado pelo método de azul de metileno de Loeffler; (c) Colônias de

Yersinia pestis em meio BAB e lise por fagos; (d) Testes bioquímicos de fermentação de glicerol e redução de nitrato (cepas da América do Sul são Biovar orientalis); (e) Teste de hemaglutinação; (f) Teste ELISA; (g) M-PCR (caf1, irp2, pla, lcrV) (Bezerra; De Almeida, 2022).

2.9 CONTROLE E VIGILÂNCIA DA PESTE.

2.9.1 Histórico do Combate a Peste no Brasil

Durante o período em que a peste estava restrita às áreas urbanas, o governo brasileiro implementou medidas de controle emergenciais, com a Campanha de Combate à Peste Urbana sob o comando de Oswaldo Cruz. No entanto, devido ao transporte terrestre, a doença se espalhou para além das regiões costeiras. Diante da situação, houve a criação Departamento Nacional de Saúde em 1936, com a introdução de novos métodos e medicamentos contribuíram para o sucesso do controle da peste (Tavares et al., 2012).

O reaparecimento da doença em áreas anteriormente controladas expôs as limitações dos programas e rotinas já estabelecidos, tornando necessário repensar as estratégias de controle. Então, em resposta à situação, o Instituto Nacional de Endemias Rurais (INERu), posteriormente Departamento Nacional de Endemias Rurais (DNERu), foi estabelecido em Exu, Pernambuco, em 1966, o Projeto Piloto da Peste. O projeto foi coordenado em parceria com autoridades internacionais, incluindo a OMS e a Organização Pan-Americana da Saúde (OPAS), contando com a colaboração de especialistas como Marcel Baltazard. As atividades do projeto não ficaram restritas às medidas de vigilância e controle, desenvolvendo estudos sobre a infecção na Chapada do Araripe até 1974, quando houve descontinuidade do projeto nessa região, em virtude de uma série de fatores (Tavares et al., 2012).

As pesquisas realizadas produziram percepções valiosas para compreensão da dinâmica da peste nesse foco, permitindo identificar espécies potenciais de roedores reservatórios da infecção, suas sensibilidades ao bacilo, e entendimento da fauna da região no ciclo da peste. A coleta de pulgas possibilitou estudos voltados para avaliar a transmissão, testando a capacidade vetorial de diferentes espécies de pulgas em infectar roedores com *Yersinia pestis* e a resistência a inseticidas como DDT e Dieldrin (Tavares et al., 2012).

As atividades de controle realizadas pelos Programas de Controle da Peste (PCP) passaram do Departamento Nacional de Endemias Rurais (DNERu) para outras organizações, incluindo a Superintendência de Campanhas de Saúde Pública (SUCAM), até o ano 2000, quando foram descentralizadas e passaram a ser responsabilidade dos estados sob a supervisão da Fundação Nacional de Saúde (FUNASA). Em 2004, o controle foi transferido para a Secretaria de Vigilância em Saúde (SVS) do Ministério da Saúde (MS), onde o Programa de Controle da Peste (PCP) passou a contar com o apoio do Serviço de Referência Nacional em Peste (SRP), integrado ao Departamento de Microbiologia do Instituto Aggeu Magalhães (IAM) e à Rede de Laboratórios de Saúde Pública do MS (Brasil, 2008).

2.9.2 Vigilância e controle da Peste

Conforme exigido pelo Regulamento Sanitário Internacional (RSI) atividades de vigilância, profilaxia e controle da peste são realizadas em portos e aeroportos internacionais. No Brasil esse monitoramento abrange as regiões de foco, adotando medidas adequadas de acordo com as condições de cada área, baseadas em estudos aprofundados de suas características ecológicas e epidemiológicas (Bezerra; Almeida, 2022; Brasil, 2008). Atualmente, a detecção da atividade da peste nessas regiões é realizada por meio de inquéritos sorológicos em animais sentinelas (Brasil, 2008; Costa et al., 2017; Tavares et al., 2012).

Esses animais sentinelas, que incluem cães e gatos, podem ser infectados tanto pelo contato com pulgas contaminadas quanto pelo consumo de roedores infectados (Almeida et al., 1988). Anteriormente, as atividades de vigilância também envolviam a captura de roedores e identificação de suas pulgas para a pesquisa da circulação do bacilo. No entanto, visando evitar impactos ecológicos nas regiões, as análises das populações de roedores e suas pulgas são conduzidas apenas durante pesquisas ou investigações mais profundas induzidas pela positividade nos animais sentinelas (Costa et al., 2017; Tavares, 2007).

Casos de peste humana devem ser investigados dentro de 48 horas após a notificação, o processo de notificação e investigação segue o procedimento padronizado pela SVSA do Ministério da Saúde. Inicialmente deve ser feito o registro do caso no Sistema de Informação de Agravos de Notificação (SINAN), a partir disso a Assistência Básica vai em busca do paciente para realizar o atendimento ao

paciente. Ao ser confirmada a suspeita de peste, é feita a primeira coleta para exames sorológicos, após 2 a 3 semanas é realizada outra coleta de sangue para exames. Posteriormente, deve ser feito o preenchimento da Ficha de Investigação de Caso Humano de Peste do SISPESTE constando as informações referentes às amostras (Brasil, 2007b).

2.10 ANÁLISES GEOESPACIAIS

O uso de métodos de análises epidemiológicas permite integrar informações e construir modelos para compreensão de contextos associados às doenças. Considerando a peste como uma doença cuja condições ecológicas e ambientais exercem influência na sua dinâmica, uma abordagem espacial dos dados epidemiológicos pode produzir um melhor entendimento dessa dinâmica. Análises geoespaciais permitem identificar padrões espaciais e tendências de ocorrência, o que ajuda a detectar áreas de alto risco e focos de surto, associado não apenas a ocorrência de caso, mas também a influência de fatores como vegetação, a distribuição da população de roedores e alterações climáticas (Brasil, 2007a).

A construção de mapas para avaliação dos componentes associados a peste pode ser associada a uma análise temporal para tornar a análise mais robusta. Yuan X et. al. (2022) realizaram uma análise das variações espaço-temporais do risco de peste no planalto tibetano de 1954 a 2016, com a construção de mapas e auxílio de modelos estatísticos, descreveram as distribuições do risco de peste ao longo do tempo na região de estudo e definiram limites geográficos dos focos de peste. Estudos como esse demonstram como análises espaciais podem auxiliar na compreensão do comportamento de doenças como a peste e auxiliar nas atividades de vigilância.

Fernandes et al. (2021) demonstraram por meio de mapas a chegada e a disseminação de casos de peste humana no estado de Pernambuco, Nordeste do Brasil, além de análises especiais como estimativa de densidade de Kernel (KDE) e Scan (mapa de varredura espacial) para identificar de áreas de risco de ocorrência de peste. Desse modo, ao utilizar dados epidemiológicos retrospectivos com uma abordagem espacial é possível reconstruir contextos epidemiológicos históricos.

Ao permitir identificar padrões espaciais e tendências de ocorrência, as análises geoespaciais são cruciais no estudo e controle de doenças, determinando áreas de alto risco e focos de surto. Ao integrar dados epidemiológicos, ambientais e

demográficos para uma visão mais completa da situação, essas análises facilitam o planejamento e a implementação das medidas de controle, além da compreensão da dinâmica de uma doença. Assim, as análises geoespaciais são essenciais para otimizar estratégias de saúde pública e proteger a saúde das populações.

3 OBJETIVOS

3.1 OBJETIVO GERAL

Descrever as informações sobre as populações de ectoparasitos encontrados em hospedeiros nos Focos de Peste da Chapada do Araripe no período de 1978 a 1983.

3.1 OBJETIVOS ESPECÍFICOS

- Descrever a variação das espécies de ectoparasitos identificados durante as atividades do Programa de Vigilância e Controle da Peste (PCP);
- Identificar se houve infectividade por *Y. pestis* entre os ectoparasitos coletados sobre os roedores/hospedeiros capturados no período;
- Descrever a distribuição espacial das populações de ectoparasito identificados durante as atividades do PCP;

4 METODOLOGIA

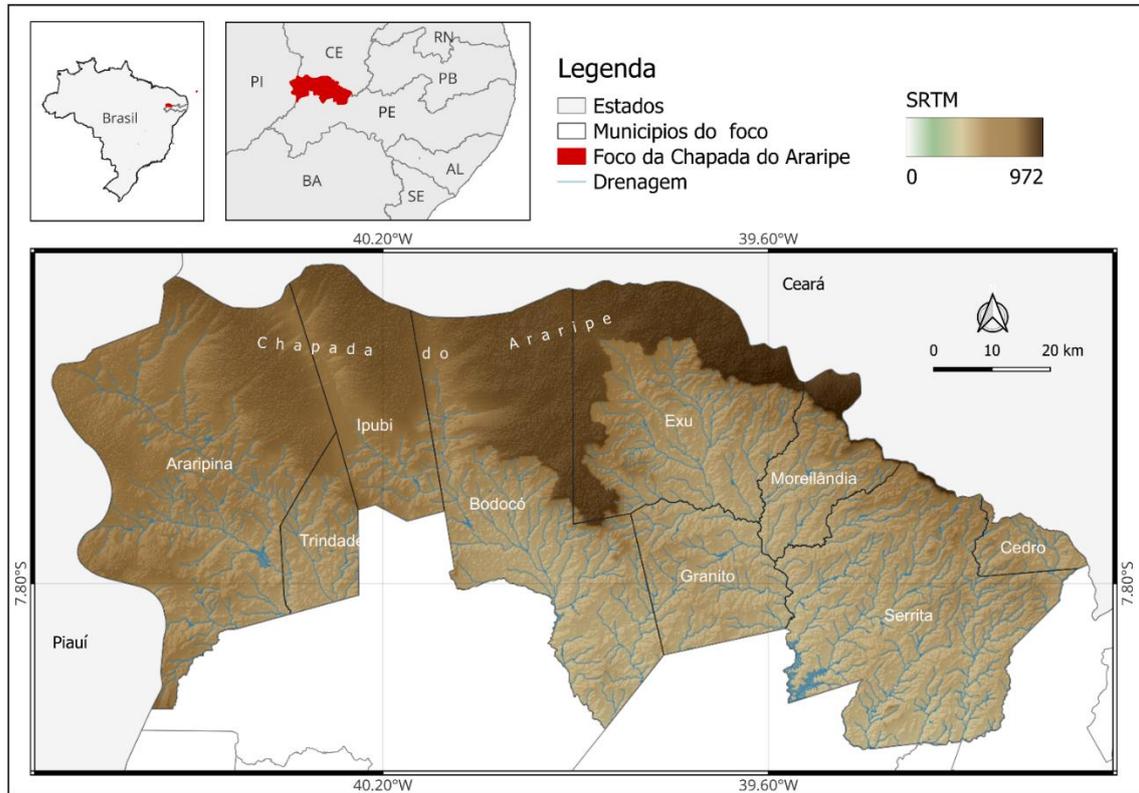
4.1 ÁREA DE ESTUDO

Considerando a área do foco de Peste da Chapada do Araripe, situada na divisa dos Estados do Ceará, Piauí e Pernambuco, o estudo realizado foi delimitado a porção do foco que pertence ao estado de Pernambuco. Os municípios que constituem esse foco são: Araripina, Bodocó, Cedro, Ipubi, Exu, Moreilândia, Serrita e Trindade (Figura 1). Todos situados na mesorregião do Sertão, apresentando características da floresta tropical sazonalmente seca, com clima semiárido, além de chuvas escassas e irregulares (IBGE, 2024; Associação Caatinga, 2022).

O foco de peste em análise coincide espacialmente com complexo ecológico da Chapada do Araripe, região dessa unidade geomorfológica que está contida no estado de Pernambuco (Figura 4) (Ferreira; Dantas; Shinzato, 2014). Essa unidade consiste em um vasto platô, sendo delimitado em todos os lados por escarpas com recuo erosivo, com altitudes conhecidas que variam de 700 a 1.000 metros nas partes mais altas (Ferreira; Dantas; Shinzato, 2014; Associação Caatinga, 2022).

Predominam, solos Latossolos Vermelho-Amarelos distróficos, nas regiões mais elevadas e nas escarpas, por sua vez, predominam os Neossolos Litólicos Eutróficos (Ferreira; Dantas; Shinzato, 2014). Essa região apresenta o tipo de vegetação Savana, Savana estépica e Floresta Estacional Sempre-Verde (Ferreira; Dantas; Shinzato, 2014; Associação Caatinga, 2022). Essa área de floresta, apesar da sazonalidade na precipitação, mantém grande parte da cobertura foliar durante todo o ano, o que se deve à drenagem da água infiltrada proveniente do topo (Ferreira; Dantas; Shinzato, 2014).

Figura 2. Municípios do Foco de Peste da Chapada do Araripe.



Fonte: O autor.

Legenda: A figura apresenta o mapa da área analisada no estudo, com as variações de altitude (m) representadas pelas cores obtidas pelo Shuttle Radar Topography Mission (SRTM). As áreas cinzas indicam estados do Ceará, Piauí e área de Pernambuco não pertencentes ao Foco da Chapada do Araripe e as linhas pretas delimitam os municípios de Pernambuco pertencentes ao Foco. Os mapas na parte superior esquerda mostram o Brasil e Pernambuco com o foco da Chapada do Araripe em vermelho.

4.2 COLETA DOS DADOS

4.2.1 Dados De Pulgas e Seus Hospedeiros

Os dados referentes às coletas de ectoparasitas e seus hospedeiros, no foco na Chapada do Araripe no período de 1978 a 1983, correspondendo a momentos pós epidêmicos e quiescente da peste consistem em fichas e cadernos de classificação

de pulgas elaborados durante as atividades do Programa de Controle da Peste (PCP) nas áreas focais de Pernambuco e estão conservados no acervo do SRP do IAM FIOCRUZ PE.

As atividades de coleta do PCP visavam acompanhar a circulação da *Y. pestis* nas áreas de foco ao longo dos anos. De maneira concisa, as coletas foram realizadas em sítios ou fazendas, utilizando armadilhas para roedores vivos dos tipos Chauvancy, Tomahawk e Sherman. Os roedores capturados foram despulizados, identificados pelas características morfológicas quanto ao gênero e espécie e mantidos em quarentena até a morte ou eutanasiados e necropsiados para pesquisa da *Y. pestis* pelo cultivo e/ou inoculação de amostras de tecidos (baço e/ou sangue).

Os pulicídeos coletados dos roedores foram separados por espécie de hospedeiro, data e local de captura, identificados ao nível de gênero ou espécie e submetidos a cultura para pesquisa de *Y. pestis*. Os processos de conservação dos pulicídeos em solução salina a 2,5% ou semeio de macerados de “pools” de pulicídeos, no meio de Cary & Blair para transporte. Também foram coletadas pulgas livres das habitações por meio do uso de cubas com água saponosa no piso das habitações no final da tarde e recolhidas na manhã seguinte.

A identificação da infectividade por *Y. pestis* era feita por meio diagnóstico bacteriológico, as culturas foram incubadas a 37°C por 48 horas. Colônias com características de *Y. pestis* foram, então, transferidas para caldo peptonado para a realização de testes com o bacteriófago antipestoso e para o isolamento da cepa (Brasil et al., 1989).

Os dados referentes às coletas de ectoparasitas e seus hospedeiros foram organizados em tabelas no software Office Excel®, contendo variáveis, como espécie do hospedeiro, quantidade coletada, espécie, positividade ou não para *Y. pestis* e município e/ou localidade dos ectoparasitas coletados, além de informações sobre a data da coleta.

4.2.2 Dados Geoespaciais

O georreferenciamento das localidades utilizadas para as análises espaciais foi realizado por meio de registros *in loco* durante estudos do SRP, com o uso do receptor GPS (Global Positioning System) ou de mapas estatísticos dos municípios disponibilizados pela Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística (IBGE), com o

auxílio do software QGIS. As informações presentes nos mapas foram transformadas em dados vetoriais para as análises espaciais.

Do total de pulgas identificadas no período 1978 a 1983, foi possível realizar o georreferenciamento de 330 localidades de coleta de 27.772 pulgas, 5.387 pulgas que tiveram sua localidade descrita não foi factível o georreferenciamento. De 29.050 pulgas não havia informação sobre a identificação do sítio ou/e fazenda da realização da coleta.

Os dados vetoriais referentes aos municípios (Araripina, Bodocó, Cedro, Ipubi, Exu, Moreilândia, Serrita e Trindade), o estado (Pernambuco) e ao país (Brasil), foram obtidos pelo acervo de malhas vetoriais IBGE. A drenagem (hidrografia) da área foi fornecida pela Companhia de Pesquisa de Recursos Minerais (CPRM) - *Instituto Nacional de Pesquisas Espaciais* (INPE). Os dados do Modelo Digital de Elevação (MDE) foram obtidos da Shuttle Radar Topography Mission (SRTM) utilizando o script na plataforma Google Earth Engine (GEE).

4.3 ANÁLISE DOS DADOS

4.3.1 Construção dos Gráficos e Diagrama

Utilizando o software GraphPad Prism® (versão 8.0.1) foram construídos gráficos de linhas representando a quantidade de pulgas coletadas anualmente para análise dos dados. Os dados obtidos foram previamente organizados em uma tabela com duas variáveis: "Ano" e "Quantidade de Pulgas". Posteriormente, foi utilizado um filtro para construção da tabela de acordo com a espécie de pulga. A partir dessas quatro tabelas, foram construídos quatro gráficos referente a quatro espécies de pulgas, representados na figura X. O gráfico foi elaborado atribuindo ao eixo X a representação dos anos, enquanto o eixo Y a quantidade de pulgas.

Utilizando o site SankeyMATIC (disponível em: <https://sankeymatic.com/build/>) foi possível produzir o diagrama de Sankey para demonstrar as associações das espécies de pulgas e seus hospedeiros. Para isso, foi necessário construir uma tabela relacionando as espécies de hospedeiro e as espécies de pulgas para posteriormente ser transformado no formato "Espécie de pulga [Quantidade] Espécie de hospedeiro", requerido pelo site. Cada fluxo ilustrando uma associação, com a sua espessura sendo proporcional a interações entre as pulgas e os seus hospedeiros.

4.3.1 Análises espaciais

Utilizando o software QGIS foram produzidos mapas e análises espaciais para análise dos dados coletados. Para representar a quantidade de roedores por localidade, utilizou-se a ferramenta de simbologia do QGIS, atribuindo fatores quantitativos aos pontos dispostos nos mapas. A gradação dos valores foi realizada com base na quebra natural de Jenks, com as classes representadas por uma escala de cores permitindo uma identificação clara das diferenças quantitativas entre as localizações

A Estimativa de Densidade de Kernel (KDE) consiste em uma técnica de interpolação que permite a identificação visual de *hotspots* ou agrupamentos de pontos, com possibilidade de atribuição de peso de acordo com a quantidade de ou casos nesses pontos (Brasil, 2007).

Para produzir a os *hotspots* foi necessário obter a tabela contendo a matriz de distância dos pontos por meio da ferramenta “Matriz de distância” do software QGIS. Essa ferramenta produziu com base na camada de pontos uma tabela disponibilizando dados da média e do desvio padrão da distância de cada localidade. A partir desses dados foi calculada a média das distâncias médias (\bar{x}) e a média dos desvios padrão ($\bar{x}\sigma$). Aplicando os valores obtidos na equação $R = \bar{x} \pm \bar{x}\sigma$ foi possível obter o raio para a construção da KDE.

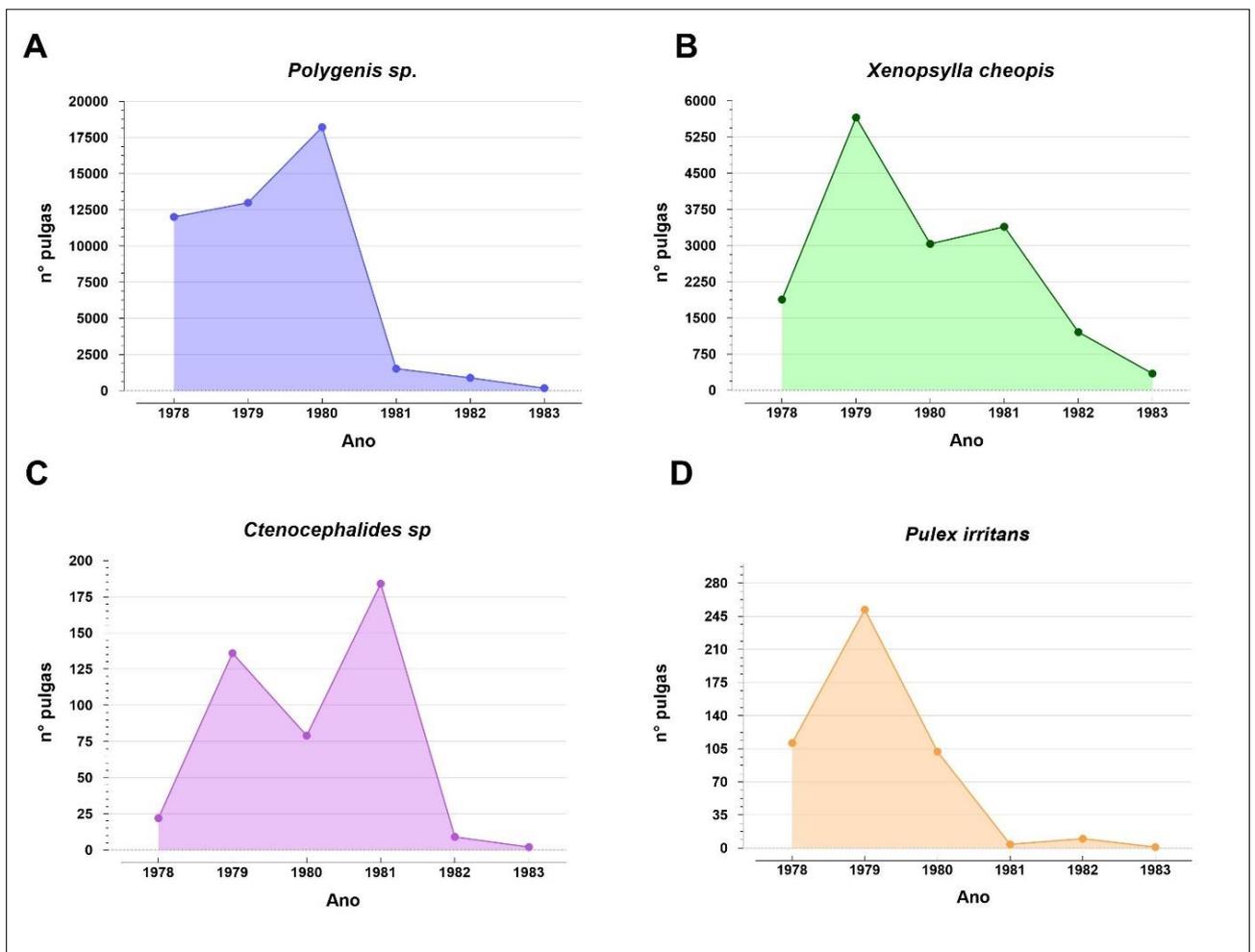
Para a construção do KDE, além do raio, foi atribuído a cada ponto um peso de acordo com o número de entradas (pulgas) em cada localidade. As cores apresentadas pela mancha do KDE foram atribuídas para tornar a visualização mais intuitiva com áreas de maiores intensidade de pulgas com tons de vermelho e laranja, enquanto áreas com menores quantidades, em tons mais claros, como azul e verde.

5 RESULTADOS

No período de e 1978 a 1983 foram coletadas 62.209 pulgas nas atividades do Programa de Controle da Peste (PCP) em oito municípios do foco da Chapada do Araripe, Exu, Araripina, Bodocó, Ipubi, Cedro, Moreilândia, Granito, Trindade. As pulgas foram identificadas: *Polygenis sp.* (n=45.780), *X. cheopis* (n=15.514), *P. irritans* (n=480), *Ctenocephalides sp* (n=432), *Adoratopsylla sp.* (n=3). Todas as pulgas foram negativas para *Y. pestis*:

Os gráficos da Figura 5 mostram o número de espécimes coletados por ano de cada espécie de pulga, com exceção da *Adoratopsylla sp.* que não foi representada devido ao pequeno número coletado apenas nos anos de 1978 (n=2) e 1979 (n=1).

Figura 5. Distribuição Anual de Espécimes por Espécie de Pulga coletadas no foco da Chapada do Araripe (1978 a 1983).

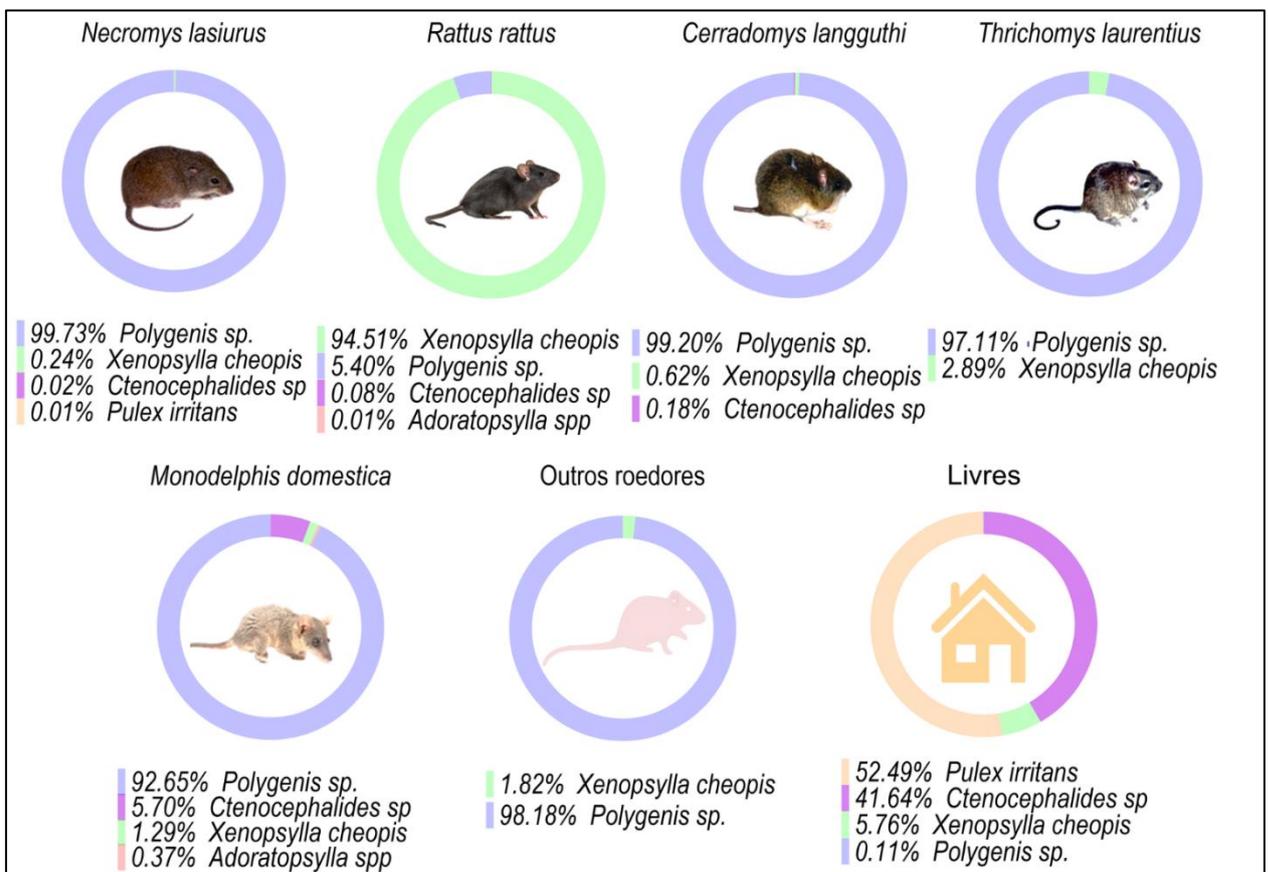


Fonte: Autor

Legenda: A figura apresenta a distribuição anual das espécies: *Polygenis sp.* (A), *Xenopsylla cheopis* (B), *Ctenocephalides sp* e *Pulex irritans*, coletadas nas atividades de vigilância da Peste no foco da Chapada do Araripe (1978 a 1983).

Em relação aos hospedeiros 16.213 pulgas foram coletadas em roedores sinantrópico-comensais: *R. rattus* e 08 em *M. musculus*. Enquanto, 45.081 pulgas foram obtidas de espécies silvestres: 41.112 em *N. lasiurus*, 2.252 em *C. langguthi*, 622 em *T. laurentius*, 544 em *M. domestica*, 178 em *G. spixii*, 177 nos *Oligoryzomys nigripes*, 175 *C. expulsus*, 6 em *W. pyrrhorhinos*, 5 em *D. albiventris*. A porcentagem referente a espécie de pulga encontra está representada nos gráficos da Figura 6, os roedores das espécies: *G. spixii*, *O. nigripes*, *C. expulsus*, *W. pyrrhorhinos*, *D. albiventris*, foram compilados em um único gráfico, denominado “Outros roedores”. 903 pulgas foram coletadas livres nas habitações. Não foram encontradas informações sobre a origem ou o hospedeiro de 2 *X. cheopis* e 14 *Polygenis sp.*

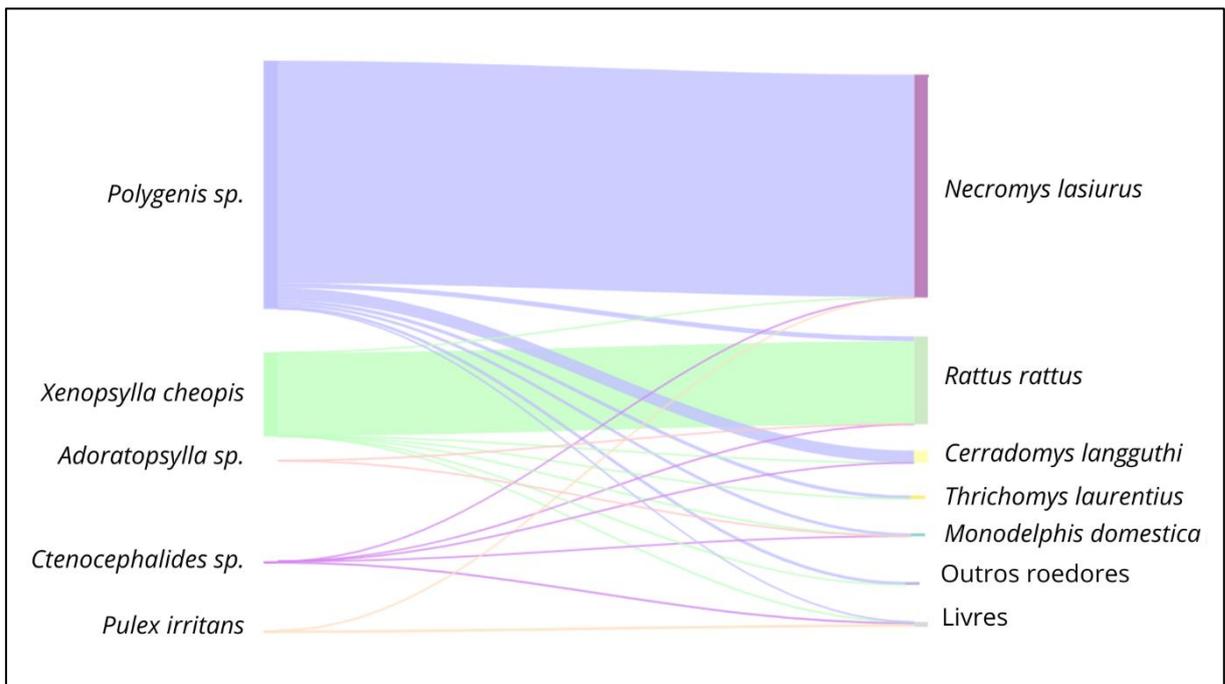
Figura 6. Gráficos da Associação entre Espécies de Pulgas e seus Hospedeiros.



Fonte: O autor.

A associação entre as espécies de pulgas e seus hospedeiros está representada no diagrama de Sankey na Figura 7. Para melhor visualização, assim como na Figura 3, os roedores (*G. spixii*, *C.expulsus*, *W. pyrrhorhinos*, *D. albiventris*) com menos de 500 pulgas foram considerados juntos como “Outros roedores”.

Figura 7. Diagrama de Sankey da Associação entre Espécies de Pulgas e seus Hospedeiros.



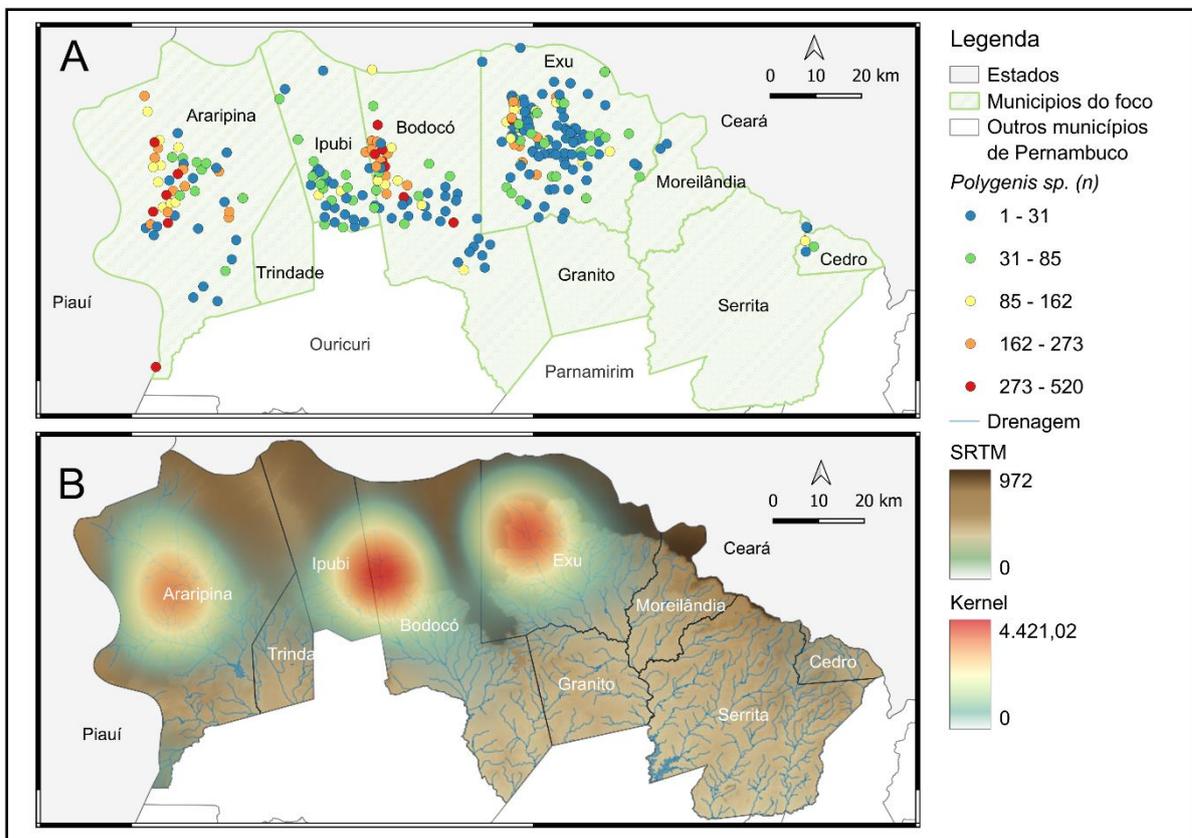
Fonte: O autor.

Legenda: A figura representa um diagrama de Sankey, construído utilizando a ferramenta online SankeyMATIC (disponível em: <https://sankeymatic.com/build/>) que relaciona espécies de pulgas (lado esquerdo) e seus Hospedeiros (lado direito), com a espessura da linha de fluxo representando a quantidade de pulga encontrada.

Em relação a distribuição espacial das pulgas (análise limitada a 27.772 espécimes) foi possível georreferenciar as localidades de origem de 20.218 *Polygenis sp.*, 7.180 *X. cheopis*, 203 *P. irritans*, 170 *Ctenocephalides sp.*, 1 *Adoratopsylla sp.* As Figuras 4, 5, 6 e 7 mostram a distribuição espacial por localidade com intensidade de ocorrências e as KDE de frequência das espécies *Polygenis sp.*, *X. cheopis*, *Ctenocephalides sp.*, *P. irritans*. Em virtude da pequena quantidade no registro, a espécie *Adoratopsylla sp.* não foi incluída nos mapas.

As pulgas do gênero *Polygenis sp.* foram encontradas 84,8% das localidades georreferenciadas, com intensidade no número de espécimes variando entre 1 a 520. A Estimativa de Densidade Kernel (KDE) destacou três áreas com alta intensidade (em vermelho - laranja na mancha de Kernel) nos municípios de Exu, Bodocó, Ipubi e Araripina (Figura 8). As *X. cheopis* 61,8% das localidades georreferenciadas, a variação da quantidade de pulga identificada por localidade entre 1 a 313, foram destacadas duas áreas de alta intensidade e um de média intensidade (em amarelo - verde na mancha de Kernel) pela KDE (Figura 9).

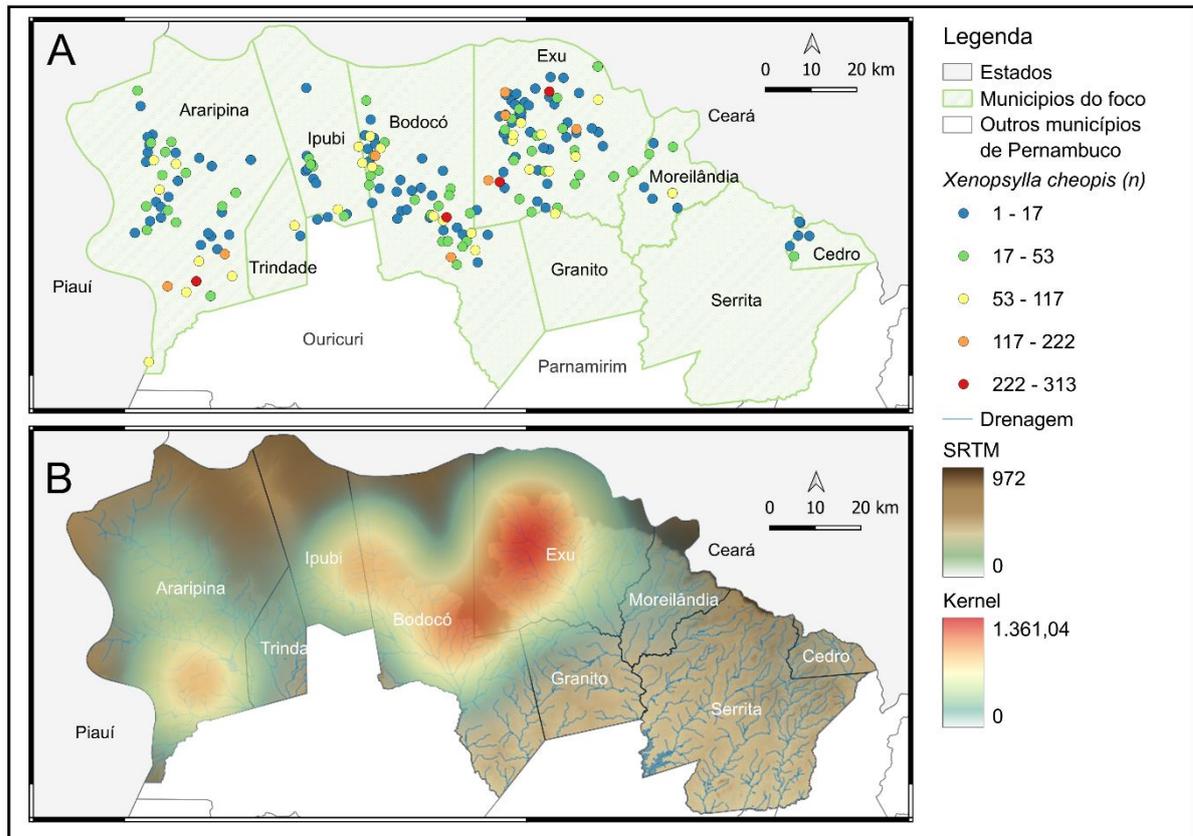
Figura 8. Distribuição Espacial e KDE de Frequência da Espécie *Polygenis sp.*



Fonte: Autor

Legenda: A figura apresenta as análises espaciais dos espécimes de *Xenopsylla cheopis* na Chapada do Araripe no período de 1978 a 1983. A linha preta indica as fronteiras entre os estados de Pernambuco, Ceará e Piauí. Em verde mostra os municípios pertencentes ao foco da Chapada do Araripe (B). As cores de fundo mostram a altitude (m) obtida pelo SRTM (B). KDE, estimativa de densidade de kernel; SRTM, Shuttle Radar Topography Mission (<https://www.earthdata.nasa.gov>).

Figura 9. Distribuição Espacial e KDE de Frequência da Espécie *Xenopsylla cheopis*.



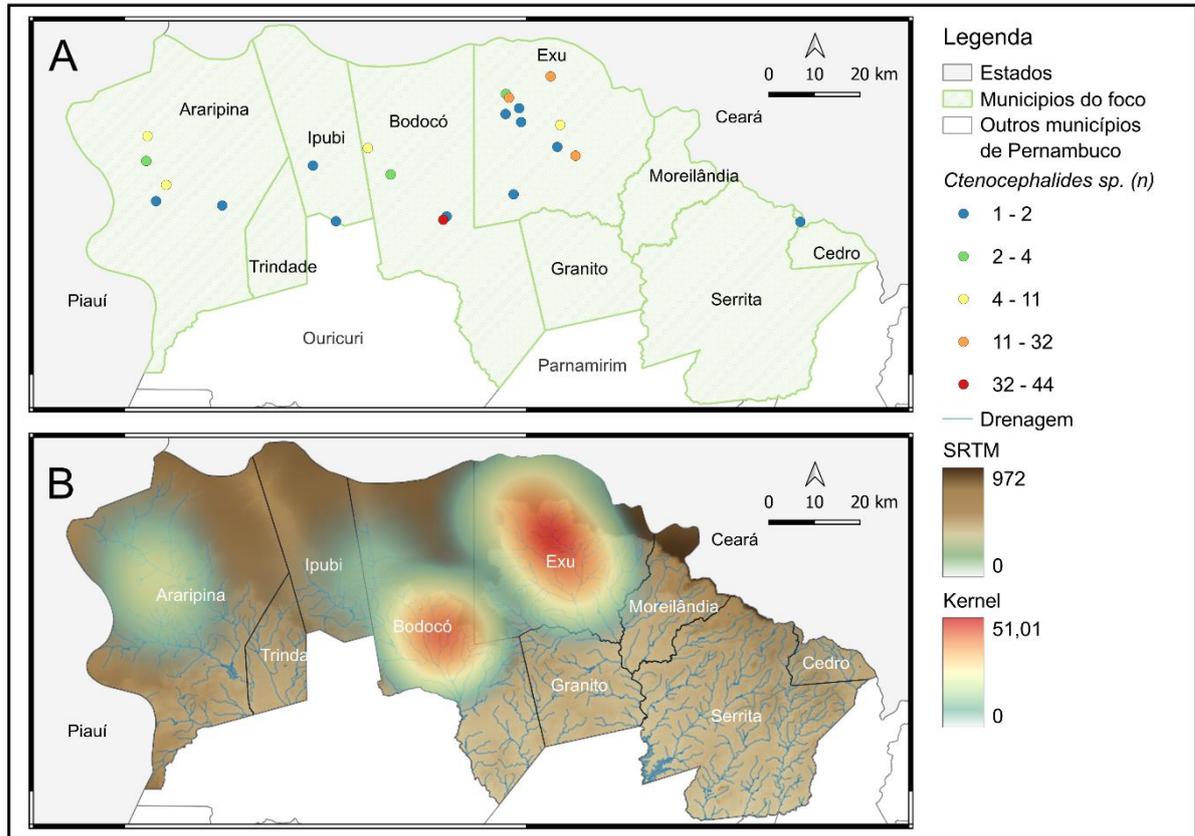
Fonte: Autor

Legenda: A figura apresenta as análises espaciais dos espécimes de *Xenopsylla cheopis* na Chapada do Araripe a partir de dados da vigilância do período de 1978 a 1983. A linha preta indica as fronteiras entre os estados de Pernambuco, Ceará e Piauí. Em verde mostra os municípios pertencentes ao foco da Chapada do Araripe (B). As cores de fundo mostram a altitude (m) obtida pelo SRTM (B). KDE, estimativa de densidade de kernel; SRTM, Shuttle Radar Topography Mission (<https://www.earthdata.nasa.gov>).

As espécies *Ctenocephalides sp.* e *Pulex irritans* foram encontradas 6,6% e 6,6% das localidades georreferenciadas, com intensidade no número de espécimes variando entre 1 a 44 e 1 a 55, respectivamente. Quanto à Estimativa de Densidade Kernel, as *Ctenocephalides sp.* apresentaram duas áreas de alta intensidade, nos municípios de Exu e Bodocó, e uma de média intensidade em Araripina (Figura 10). As *Pulex irritans* na KDE foram identificadas uma área de alta intensidade, no norte do município de Exu, e duas áreas com intensidade média nos municípios Bodocó, Ipupi e Araripina. Áreas de baixas intensidades (em azul na mancha de Kernel) pela

Estimativa de Densidade Kernel foram identificadas, principalmente, nos municípios Cedro, Moreilândia, Granito e Trindade (Figura 11).

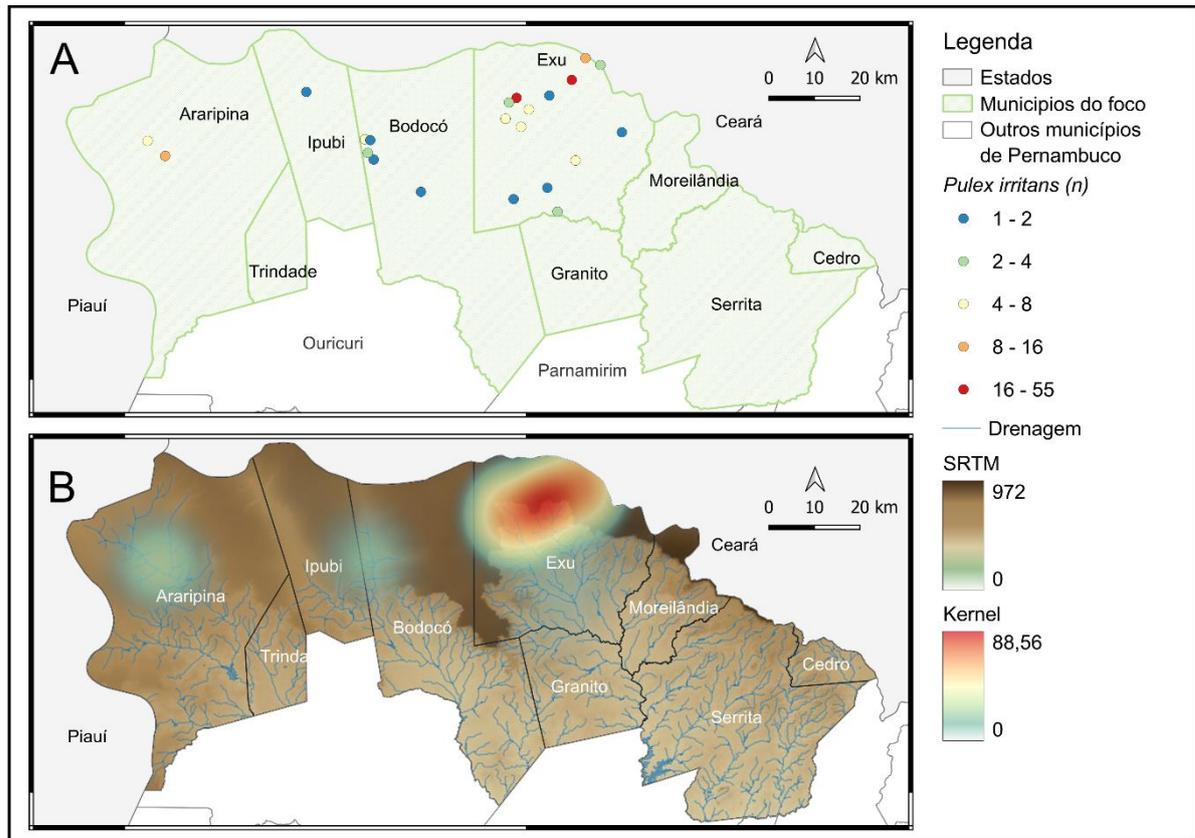
Figura 10. Distribuição Espacial e KDE de Frequência da Espécie *Ctenocephalides sp.*



Fonte: Autor

Legenda: A figura apresenta as análises espaciais dos espécimes de *Ctenocephalides sp.* na Chapada do Araripe a partir de dados da vigilância do período de 1978 a 1983. A linha preta indica as fronteiras entre os estados de Pernambuco, Ceará e Piauí. Em verde mostra os municípios pertencentes ao foco da Chapada do Araripe (B). As cores de fundo mostram a altitude (m) obtida pelo SRTM (B). KDE, estimativa de densidade de kernel; SRTM, Shuttle Radar Topography Mission (<https://www.earthdata.nasa.gov>).

Figura 11. Distribuição Espacial e KDE de Frequência da Espécie *Pulex irritans*



Fonte: Autor

Legenda: A figura apresenta as análises espaciais dos espécimes de *Pulex irritans* na Chapada do Araripe a partir de dados da vigilância do período de 1978 a 1983. A linha preta indica as fronteiras entre os estados de Pernambuco, Ceará e Piauí. Em verde mostra os municípios pertencentes ao foco da Chapada do Araripe (B). As cores de fundo mostram a altitude (m) obtida pelo SRTM (B). KDE, estimativa de densidade de kernel; SRTM, Shuttle Radar Topography Mission (<https://www.earthdata.nasa.gov>).

5 DISCUSSÃO

As medidas de controle da peste no Brasil, desde o primeiro relato de caso em 1899, evoluíram em resposta às mudanças epidemiológicas, características ecológicas e demográficas, sendo ajustadas ao longo do tempo (Tavares et al., 2012). No estado de Pernambuco, essa evolução é contextualizada na documentação sobre os estudos e as atividades de vigilância realizadas, permitindo o conhecimento da situação da peste no estado. Entre 1945 e 1976, foram confirmados 525 casos de peste em Pernambuco, distribuídos por 37 municípios. Destes, os municípios situados no complexo ecológico da Chapada do Araripe concentraram o maior número de casos positivos no estado durante esse período. A vigilância da peste foi ajustada para atender ao cenário epidemiológico local, registrando não apenas a ocorrência dos casos, mas também outras variáveis que podem contribuir para a vulnerabilidade dessas áreas à doença, como a população de roedores e pulgas da região (Fernandes et al., 2021c).

No período pós epidêmico de 1978 a 1983, as atividades de vigilância foram mantidas no foco da Chapada do Araripe, e foi registrada a ocorrência das espécies *Polygenis* sp. (*P. bolshi jordani* e *P. tripus*), *X. cheopis*, *P. irritans*, *Ctenocephalides* sp. (*C. felis*.) e *Adoratopsylla* sp. A *X. cheopis*, a segunda pulga mais prevalente durante período, é considerada o principal vetor da peste, por ser a mais estudada principalmente em estudos sobre a eficiência vetorial quando comparada com outras espécies (Burroughs, 1947). No entanto, Brasil et al. (1989) registraram que, das 228 pulgas positivas para *Y. pestis* encontradas na região, 203 pertenciam ao gênero *Polygenis*. Ademais, pesquisas sobre dinâmica da peste no Nordeste do Brasil, identificaram as pulgas do gênero *Polygenis* sp. como os principais vetores da peste na região (Baltazard, 2004; Karimi, Eftekhari e Almeida, 1974), que, no presente estudo, é a espécie mais prevalente. As espécies de *Polygenis* sp. foram encontradas quase exclusivamente em roedores silvestres, principalmente no *Necromys lasiurus*, o qual entre os roedores silvestres teve o maior número de pulgas.

A complexidade da interação entre parasitas e seus hospedeiros pode aumentar com a inserção de um agente etiológico, como a *Y. pestis*, no contexto, podendo resultar em impactos nos processos ecológicos envolvendo tanto a dinâmica populacional quanto a estrutura da comunidade das espécies. Além disso, a diversidade de espécies de mamíferos que podem ser infectados confere à peste um

potencial de impacto amplo nos sistemas ecológicos. Achados utilizando análises das propriedades de redes ecológicas hospedeiro-vetor da Chapada do Araripe sugerem que, em períodos epidêmicos, as interações das redes exibem maior robustez do que em períodos não epidêmicos. A presença de espécies generalistas contribui para a estabilidade e continuidade da transmissão da peste, apesar da extinção local de algumas espécies sensíveis, possivelmente ampliando as áreas de impacto da peste (Bezerra et al., 2024).

Nesse sentido, Fernandes et al. (2021b) ao avaliarem a distribuição temporal de roedores durante os períodos epizootico e enzoótico de peste, com foco no município de Exu (PE), mostraram que os períodos de prevalência da população de *N. lasiurus* coincidem com os anos em que foram registrados casos humanos de peste na região. Descrito como um roedor sensível à peste, o *N. lasiurus* é considerado um hospedeiro amplificador, uma vez que ao morrerem, suas pulgas infectadas buscam outros hospedeiros. Em um contexto de epizootias, a busca de novos hospedeiros pode potencialmente desencadear um surto de peste. Quanto aos períodos enzoóticos da peste, Fernandes et al. (2021b) observaram predominância de *R. rattus*. Esse roedor comensal no levantamento realizado abrigou, no período pós epidêmico, principalmente, a espécie *X. cheopis*, sendo descrito como um roedor resistente a peste, atuando como reservatório da peste em períodos inter-epizooticos.

Diante do exposto, infere-se que a compreensão da complexidade da peste vai além dos componentes associados apenas à *Y. pestis*, com fatores ecológicos e ambientais exercendo influências relevantes. Corroborando para essa percepção, um estudo de 411 genomas de cepas brasileiras de *Y. pestis*, isoladas de roedores, pulgas e casos humanos em períodos epidêmicos e endêmicos (Pitta et al., 2023), não identificou padrões precisos que relacionassem o perfil genômico ao local de coleta, período ou tipo de hospedeiro. Isso evidencia que uma abordagem ecológica, espacial e temporal é essencial para entender a autonomia de cada foco de peste e a dinâmica da doença nessas áreas.

Nesse contexto, analisando a distribuição espacial por espécies no foco da Chapada do Araripe, durante o período de estudo, observou-se variações na abrangência entre a espécie de pulgas na região. A disposição das pulgas pode ter sido influenciada tanto pela distribuição dos hospedeiros quanto pela metodologia de coleta de dados utilizada no período. Ao comparar a relação hospedeiro-pulga, espécimes do gênero *Polygenis sp.* e da espécie *X. cheopis* foram identificados

principalmente em associação com roedores, enquanto as principais pulgas encontradas sem hospedeiro, livres no solo das habitações, foram espécimes do gênero *Ctenocephalides sp.* e *P. irritans*.

A *Pulex irritans*, conhecida como "pulga do homem", possui uma ampla distribuição geográfica, e as espécies do gênero *Ctenocephalides* são, geralmente, parasitas de cães e gatos, embora possam parasitar outros mamíferos. Essas espécies foram identificadas como envolvidas na transmissão da peste em regiões da Tanzânia, Uganda e Madagascar (Laudisoit et al., 2007; Eisen et al., 2008; Ratovonjato et al., 2014). Assim, a dispersão observada pode ser atribuída ao estilo de vida particular desses ectoparasitas, que têm a capacidade de se dispersar independentemente dos hospedeiros.

Diante das informações já apresentadas, é possível compreender a peste como uma doença com uma dinâmica multifacetada, como explorado no estudo de Bezerra et al. (2024). Nesse estudo, foram analisados diversos fatores envolvidos na modulação da peste na Chapada do Araripe, incluindo a distribuição espacial de casos. Os resultados indicaram maior risco e ocorrência de casos em áreas de menor altitude, especialmente nos municípios de Exu, Bodocó e Araripina. Esses achados são consistentes com as Estimativas de Densidade de Kernel apresentadas pelo presente trabalho, que revelaram alta intensidade de detecção de pulgas nas áreas de menor altitude, próximas à encosta do planalto, conhecidas como os sopés da Chapada do Araripe.

6 CONCLUSÃO

Em conclusão, este trabalho teve como objetivo realizar a descrição das informações sobre as populações de ectoparasitos encontrados em hospedeiros nos Focos de Peste da Chapada do Araripe no período pós-epidêmico de 1978 a 1983, por meio do levantamento e descrição dos dados coletados nas atividades de vigilância de Peste no foco da Chapada do Araripe, contidos no acervo do Serviço de Referência Nacional em Peste (SRP) do Instituto Aggeu Magalhães (IAM) FIOCRUZ PE, integrando com análises espaciais. Os resultados revelaram a prevalência da *Polygenis sp.*. No entanto, nenhum espécime se revelou infectado pelo bacilo da peste. Quanto à associação das pulgas aos hospedeiros observou-se a associação da *X. cheopis* às espécies sinantrópicas-comensais e da *Polygenis* aos roedores silvestres. As análises espaciais identificaram áreas de baixa altitude, porém próximas a Chapada do Araripe como regiões com maior de intensidade pulgas, de todas as espécies. Esses resultados contribuem para uma compreensão das populações de ectoparasitos no Foco de Peste da Chapada do Araripe no período de 1978 a 1983. O estudo apresenta limitações, como a identificação das pulgas *Polygenis* apenas a nível de gênero e as análises espaciais limitadas às localidades identificadas e georeferenciadas. Diante dessas limitações, novos estudos ecológicos e epidemiológicos mais abrangentes são essenciais para conhecer as espécies de *Polygenis sp.* que ocorrem na região e compreender o papel das diferentes espécies, sua interação com seus hospedeiros-ambiente na manutenção, epizootização e epidemização de peste nas áreas focais brasileiras.

REFERÊNCIAS

- ALMEIDA, A. M. P. DE et al. Does the Plague Still Threaten Us? **Revista da Sociedade Brasileira de Medicina Tropical**, v. 53, p. e20190136, 2020.
- ALMEIDA, A. M. P. DE et al. Importância dos carnívoros domésticos (cães e gatos) na epidemiologia da peste nos focos do nordeste do Brasil. **Cadernos de saúde pública**, v. 4, n. 1, p. 49–55, 1988.
- ASSOCIAÇÃO CAATINGA**. *Conheça e Conserve a Caatinga: a floresta que é a cara do Brasil*. Disponível em: <https://www.noclimadacaatinga.org.br/livro-conheca-e-conserve-a-caatinga/>. Acesso em: 08 jul. 2024.
- BALTAZARD, M. La démarche exemplaire d'un épidémiologiste de terrain: M. Baltazard et les foyers de peste du nord-est brésilien. **Bulletin de la Société de Pathologie Exotique**, v. 97, p. 93-118, 2004.
- BARBIERI, R. et al. *Yersinia pestis*: the Natural History of Plague. **Clinical Microbiology Reviews**, v. 34, n. 1, 2020.
- BERTHERAT, E. et al. Plague around the world in 2019. **Weekly Epidemiological Record = Relevé épidémiologique hebdomadaire**, v. 94, n. 25, p. 289–292, 2019.
- BEZERRA, M. F. et al. Ecologic, geoclimatic, and genomic factors modulating plague epidemics in primary natural focus, Brazil. **Emerging infectious diseases**, v. 30, n. 9, 2024.
- BEZERRA, M. F.; ALMEIDA, A. M. P. Important infectious diseases in Latin America and the Caribbean: Plague. Em: **Parasitology Research Monographs**. Cham: Springer International Publishing, p. 45–70, 2022.
- BITAM, I. et al. Fleas and flea-borne diseases. **International journal of infectious diseases: IJID: official publication of the International Society for Infectious Diseases**, v. 14, n. 8, p. e667–e676, 2010.
- BRASIL, D. P. et al. Pesquisa da infecção natural por *Yersinia pestis*, em pulicídeos provenientes de focos pestosos do nordeste do Brasil. **Revista da Sociedade Brasileira de Medicina Tropical**, v. 22, n. 4, p. 177–181, 1989.
- BRASIL. Ministério da Saúde. Secretaria de Vigilância em Saúde. Fundação Oswaldo Cruz. **Introdução à Estatística Espacial para a Saúde Pública**. Brasília: Ministério da Saúde, 2007^a.
- BRASIL. Ministério da Saúde. Secretaria de Vigilância em Saúde. Departamento de Vigilância Epidemiológica. **Manual de Vigilância e Controle da Peste**. Brasília: Ministério da Saúde, 2008.
- BRASIL. Ministério da Saúde. Secretaria de Vigilância em Saúde. Departamento de Vigilância Epidemiológica. **Sistema de Informação de Agravos de Notificação – Sinan: normas e rotinas**. 2. ed. Brasília: Editora do Ministério da Saúde; 2007b.

BURROUGHS, A. L. Sylvatic plague studies. The vector efficiency of nine species of fleas compared with *Xenopsylla cheopis*. **The journal of hygiene**, v. 45, n. 3, p. 371–396, 1947.

BUTLER, T. Plague Gives Surprises in the First Decade of the 21st Century in the United States and Worldwide. **The American Journal of Tropical Medicine and Hygiene**, v. 89, n. 4, p. 788–793, 2013.

COSTA, E. C. V. et al. Rodents and other small mammal reservoirs in plague foci in northeastern Brazil. *The Journal of Infection in Developing Countries*, v. 11, n. 05, p. 426-430, 2017.

CPRM. **Companhia de Pesquisa de Recursos Minerais**. Disponível em: <https://www.cprm.gov.br/en/Hydrology-83>. Acesso em: 21 ago. 2024.

DEMEURE, C. E. et al. *Yersinia pestis* and plague: an updated view on evolution, virulence determinants, immune subversion, vaccination, and diagnostics. **Genes and Immunity**, v. 20, n. 5, p. 357–370, 2019.

DEVIGNAT, R. Variétés de l'espèce *Pasteurella pestis*; nouvelle hypothèse. **Bull World Health Organization**, v.4, n. 2, p. 247-63,1951.

EISEN, R. J. et al. Early-phase transmission of *Yersinia pestis* by cat fleas (*Ctenocephalides felis*) and their potential role as vectors in a plague-endemic region of Uganda. **The American journal of tropical medicine and hygiene**, v. 78, n. 6, p. 949-956, 2008.

EISEN, R. J.; GAGE, K. L. Adaptive strategies of *Yersinia pestis* to persist during inter-epizootic and epizootic periods. **Veterinary Research**, v. 40, n. 2, p. 01, 2009.

EISEN, R. J.; GAGE, K. L. Transmission of flea-borne zoonotic agents. **Annual review of entomology**, v. 57, n. 1, p. 61–82, 2012.

FERNANDES, D. L. et al. Rodent hosts and flea vectors in Brazilian plague foci: a review. **Integrative zoology**, v. 16, n. 6, p. 810–819, 2021a.

FERNANDES, D. L. R. DA S. et al. Spatial and temporal distribution of rodents during the Epizootic and enzootic periods of plague, with a focus on Exu, northeastern Brazil. *Tropical medicine and infectious disease*, v. 6, n. 4, p. 195, 2021b.

FERNANDES, D. L. R. DA S. et al. Spatiotemporal analysis of bubonic plague in Pernambuco, northeast of Brazil: Case study in the municipality of Exu. **PLOS ONE**, v. 16, n. 4, p. e0249464, 2021c.

FERREIRA, R. V.; DANTAS, M. E.; SHINZATO, E. Origem das Paisagens do Estado de Pernambuco, cap. 4. In: PFALTZGRAFF, P. A. S.; TORRES, F. S. M. (eds.) **Geodiversidade do Estado de Pernambuco**. CPRM – Serviço Geológico do Brasil, Recife/PE, p. 51-70.

GAGE, K. L.; KOSOY, M. Y. Natural history of plague: perspectives from more than a century of research. **Annual review of entomology**, v. 50, p. 505–528, 2005.

HINNEBUSCH, B. J.; JARRETT, C. O.; BLAND, D. M. "Fleaing" the Plague: Adaptations of *Yersinia pestis* to Its Insect Vector That Lead to Transmission. **Annual Review of Microbiology**, v. 71, n. 1, p. 215–232, 2017.

HINNEBUSCH, B. J. et al. Role of *Yersinia murine* toxin in survival of *Yersinia pestis* in the midgut of the flea vector. **Science**, v. 296, n. 5568, p. 733–5, 2002.

HINNEBUSCH, B. J. The Evolution of Flea-borne Transmission in *Yersinia pestis*. **Current issues in molecular biology**, v. 7, n. 2, p. 197–212, 2005.

IBGE - Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. Malhas territoriais. Disponível em: <https://www.ibge.gov.br/geociencias/organizacao-do-territorio/malhas-territoriais/15774-malhas.html>. Acesso em: 21 ago. 2024.

KARIMI, Y.; EFTEKHARI, M.; ALMEIDA, C. R. Sur l'écologie des puces impliquées dans l'épidémiologie de la peste et le rôle éventuel de certains insectes hématophages dans son processus au Nord-Est du Brésil. **Bulletin de la Société de Pathologie Exotique**, v. 67, p. 583-591, 1974b.

KELLER, M. et al. Ancient *Yersinia pestis* genomes from across Western Europe reveal early diversification during the First Pandemic (541–750). **Proceedings of the National Academy of Sciences**, v. 116, n. 25, p. 12363–12372, 2019.

KESSY, S. T. et al. Flea infestation of rodent and their community structure in frequent and non-frequent plague outbreak areas in Mbulu district, northern Tanzania. *International journal for parasitology*. **Parasites and wildlife**, v. 23, n. 100921, p. 100921, 2024.

LAUDISOIT, A. et al. Plague and the human flea, Tanzania. **Emerging infectious diseases**, v. 13, n. 5, p. 687, 2007.

PEDRO MARCOS LINARDI. Fleas and Diseases. Springer eBooks, p. 517–536, 11 nov. 2016.

MAHMOUDI, A. et al. Plague reservoir species throughout the world. **Integrative Zoology**, v. 16, n. 6, p. 820-833, 2021.

MALEKI-RAVASAN, N. et al. The fleas (Siphonaptera) in Iran: Diversity, host range, and medical importance. **PLOS neglected tropical diseases**, v. 11, n. 1, p. e0005260, 2017.

NAMOUCHE, A. et al. Integrative approach using *Yersinia pestis* genomes to revisit the historical landscape of plague during the Medieval Period. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, v. 115, n. 50, p. E11790–E11797, 2018.

PERRY, R. D.; FETHERSTON, J. D. *Yersinia pestis*--etiologic agent of plague. **Clinical Microbiology Reviews**, v. 10, n. 1, p. 35–66, 1997.

PITTA, J. L. DE L. P. et al. Genomic analysis of *Yersinia pestis* strains from Brazil: Search for virulence factors and association with epidemiological data. **Pathogens**, v. 12, n. 8, p. 991, 2023.

RASCOVAN, N. et al. Emergence and Spread of Basal Lineages of *Yersinia pestis* during the Neolithic Decline. **Cell**, v. 176, n. 1–2, p. 295–305.e10, 2019.

RASMUSSEN, S. et al. Early Divergent Strains of *Yersinia pestis* in Eurasia 5,000 Years Ago. **Cell**, v. 163, n. 3, p. 571–582, 2015.

RATOVONJATO, Jocelyn et al. *Yersinia pestis* in *Pulex irritans* fleas during plague outbreak, Madagascar. **Emerging infectious diseases**, v. 20, n. 8, p. 1414, 2014.

SRTM. Shuttle Radar Topography Mission. Disponível em: <https://code.earthengine.google.com/ccf3b9ff46eb845e1b88f68550e9a22a>. Acesso em: 21 ago. 2024.

SOUSA, Larissa Leão Ferrer de et al. Seroprevalence and spatial distribution dynamics of *Yersinia pestis* antibodies in dogs and cats from plague foci in the State of Ceará, Northeastern Brazil. **Revista da Sociedade Brasileira de Medicina Tropical**, v. 50, n. 06, p. 769–776, 2017.

SPONCHIADO, J. et al. Ectoparasites of small-mammals: determinants of community structure in South American savannah. **Parasitology**, v. 144, n. 4, p. 475–483, 2017.

SPONCHIADO, J. et al. Interaction of ectoparasites (Mesostigmata, Phthiraptera and Siphonaptera) with small mammals in Cerrado fragments, western Brazil. **Experimental & applied acarology**, v. 66, n. 3, p. 369–381, 2015.

SPYROU, M. A. et al. Historical *Y. pestis* genomes reveal the European black death as the source of ancient and modern plague pandemics. **Cell host & microbe**, v. 19, n. 6, p. 874–881, 2016.

SPYROU, M. A. et al. Phylogeography of the second plague pandemic revealed through analysis of historical *Yersinia pestis* genomes. **Nature communications**, v. 10, n. 1, p. 1–13, 2019.

TAVARES, C. et al. Peste, uma zoonose esquecida. **Journal of Health & Biological Sciences**, v. 8, n. 1, p. 1–3, 2020.

TAVARES, C. et al. Plague in Brazil: From Now and Then. **Advances in Experimental Medicine and Biology**, v. 954, p. 69–77, 2012.

TAVARES, Celso. ANÁLISE DO CONTEXTO, ESTRUTURA E PROCESSOS QUE CARACTERIZARAM O PLANO PILOTO DE PESTE EM EXU E SUA CONTRIBUIÇÃO AO CONTROLE DA PESTE NO BRASIL. 2007. 307 f. **Tese (Doutorado em Saúde Pública)** - Centro de Pesquisas Aggeu Magalhães, Fundação Oswaldo Cruz, Recife, 2007.

VALLÈS, X. et al. Human plague: An old scourge that needs new answers. **PLoS Neglected Tropical Diseases**, v. 14, n. 8, p. e0008251, 2020.

VOGLER, A. J. et al. A single introduction of *Yersinia pestis* to Brazil during the 3rd plague pandemic. **PLoS ONE**, v. 14, n. 1, p. e0209478, 2019.

YANG, R. et al. *Yersinia pestis* and Plague: Some Knowns and Unknowns. **Zoonoses (Burlington, Mass.)**, v. 3, n. 1, 2023.

YUAN, X. et al. Spatiotemporal variations of plague risk in the Tibetan Plateau from 1954–2016. *Biology*, v. 11, n. 2, p. 304, 2022.

YIN, J.-X. et al. The relationship between fleas and small mammals in households of the Western Yunnan Province, China. **Scientific reports**, v. 10, n. 1, p. 16705, 2020.

YU, H. et al. Paleolithic to bronze age Siberians reveal connections with first Americans and across Eurasia. **Cell**, v. 181, n. 6, p. 1232- 1245.e20, 2020.

ZEPPELINI, C. G.; DE ALMEIDA, A. M. P.; CORDEIRO-ESTRELA, P. Zoonoses as ecological entities: A case review of Plague. **PLoS neglected tropical diseases**, v. 10, n. 10, p. e0004949, 2016.

ZHOU, D. et al. Genetics of Metabolic Variations between *Yersinia pestis* Biovars and the Proposal of a New Biovar, microtus. **Journal of Bacteriology**, v. 186, n. 15, p. 5147–5152, 2004.